

VISIT...

LANZAROTE
Caliente.COM

А.С. Спирин

МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ

Структура рибосомы и биосинтез белка

Допущено
Министерством высшего и среднего
специального образования СССР
в качестве учебника для студентов
биологических специальностей
высших учебных заведений



Москва
«Высшая школа» 1986

ББК 28.070
С 72
УДК 576.8

Рецензенты:

кафедра биохимии Киевского государственного университета
им. Т. Г. Шевченко (зав. кафедрой проф. Н. Е. Кучеренко);
и филиал кафедры биохимии при Институте молекулярной биологии
и генетики АН УССР (зав. филиалом кафедры биохимии,
акад. АН УССР, проф. Г. Х. Мацука);
акад. Д. Г. Кнорре (зав. кафедрой молекулярной биологии
Новосибирского государственного университета
им. Ленинского комсомола)

Спирин А. С.
С72 Молекулярная биология: Структура рибосомы и биосинтез
белка: Учеб. для студентов биол. спец. вузов. — М.: Высш. шк.,
1986. — 303 с.: ил.

В учебнике освещается современное состояние проблемы биосинтеза белка. Изложены сведения о структуре рибосомы, рибонуклеиновых кислотах, обеспечивающих ее функционирование, рибосомных белках, рассмотрены механизмы трансляции и ее регуляции.

С $\frac{2001040000-462}{001(01)-86}$ 19-86

ББК 28.070
57А

Предисловие

Молекулярная биология занимает особое место в развитии науки второй половины XX в. Именно ее рождение и последующий бурный рост выдвинули биологию в целом в ряды самых передовых и популярных наук, а XX в. стали иногда называть «веком биологии». Возникнув как отрасль биохимии, молекулярная биология получила мощное развитие благодаря внедрению в нее идей и методов генетики и физики. Открытый и сформулированный в 1953 г. принцип комплементарности в нуклеиновых кислотах, объяснив особенности структуры этих макромолекулярных соединений и обладая предсказательной силой в отношении их функций, лег в основу нового направления науки. Огромное научное и методологическое значение молекулярной биологии состояло в том, что наиболее фундаментальное и таинственное свойство живой материи — воспроизведение себе подобного — оказалось возможным объяснить на молекулярном уровне. Молекулярная **структура** вещества, в котором записана (закодирована) генетическая информация, механизмы **воспроизведения** генетической информации в поколениях клеток и организмов и механизмы **реализации** генетической информации через биосинтез белков — вот три направления, по которым развивалась эта наука и где были сделаны решающие успехи. Кроме того, структура и механизмы функционирования белков стали также предметом молекулярной биологии.

Становление и развитие молекулярной биологии имело большие последствия. Прежде всего, ее грандиозные достижения и стремительность роста привлекли внимание всего человечества к биологии и биологическим проблемам. Далее, по своему существу, все достижения молекулярной биологии явились полным торжеством материалистического мировоззрения. Молекулярная

биология, сама будучи чисто фундаментальной наукой, привела к возникновению многообещающей прикладной отрасли — генной инженерии.

В Советском Союзе молекулярная биология имела свою предысторию с серьезными научными заделами и традициями. Первые конкретные идеи о матричном механизме воспроизведения макромолекулярных хромосомных структур как носителей наследственности были высказаны еще в 1928 г. Н. К. Кольцовым. В 1934 г. в Московском государственном университете им. М. В. Ломоносова на кафедре биохимии растений под руководством А. Р. Кизеля были начаты исследования нуклеиновых кислот. Эти работы затем возглавил его ученик А. Н. Белозерский, трудами которого была доказана универсальность распространения ДНК в живом мире и связь количественного содержания нуклеиновых кислот в клетках с интенсивностью роста и размножения. К моменту «официального» рождения молекулярной биологии в 1953 г., когда Дж. Уотсоном и Ф. Криком был сформулирован принцип структуры и воспроизведения ДНК, у нас в стране существовала собственная школа специалистов по нуклеиновым кислотам, готовая воспринять тенденции развития этой новой науки. Поэтому уже в ранний период становления молекулярной биологии, несмотря на определенные трудности и недостаток кадров, советскими учеными был сделан ряд принципиальных научных вкладов, среди которых обнаружение специальной фракции РНК, в последующем названной информационной РНК (мРНК), открытие временной регуляции синтеза информационных РНК на ДНК, пионерские исследования информационных РНК эукариотических клеток, расшифровка полной первичной структуры одной из тРНК, демонстрация возможности самосборки рибосом и т. д.

Опираясь на быстро растущий объем знаний в области молекулярной биологии, отечественные традиции в исследовании нуклеиновых кислот и собственный опыт работы, автор данного учебника подготовил в 1964 г. и начал чтение курса лекций по молекулярной биологии в Московском государственном университете. Конечно, с течением времени курс эволюционировал и расширялся, и теперь он состоит из трех частей («Строение и биосинтез нуклеиновых кислот», «Структура рибосом и биосинтез белков» и «Структура и функции белков»). В основу предлагаемой книги положена та часть курса лекций, которая посвящена структуре рибосом и биосинтезу белка.

Первоочередное издание именно этой части курса молекулярной биологии диктуется рядом обстоятельств. Главное — это отсутствие хорошего учебника или монографии не только в отечественной, но и в мировой литературе, где вопросы строения белоксинтезирующего аппарата и механизмы биосинтеза белка были бы освещены достаточно подробно и на современном уровне. В отношении строения и биосинтеза нуклеиновых кислот, механизмов редупликации и транскрипции такие учебники имеются, и среди них прекрасная книга Дж. Уотсона «Молекулярная биология гена» (М., Мир, 1978) и учебник Б. Левина «Гены», изданный в США (B. Lewin. Genes. John Wiley and Sons, N.-Y., 1983). Правда, учебник по структуре и функции белков тоже отсутствует, но недавно вышла книга (Г. Е. Шульц, Р. Х. Ширмер. Принципы структурной организации белков. М., Мир, 1982), которая по крайней мере частично восполняет этот пробел.

Предлагаемый учебник написан в строгом соответствии с программой курса по молекулярной биологии, читаемого в Московском государственном университете им. М. В. Ломоносова, но охватывает всего часть (приблизительно, одну треть) общего курса. Книга может рассматриваться также как пособие для подготовки кандидатского минимума по молекулярной биологии и соответствует программе, утвержденной ВАК. Однако, кроме изложения наиболее фундаментальных знаний, которые накоплены в рассматриваемой области, в книгу включен также и ряд еще не устоявшихся, а иногда и спорных интерпретаций и положений, как примеры возможных, с точки зрения сегодняшнего дня, представлений. В ряде случаев автор предпочел давать предположительную трактовку спорным и противоречивым данным, чем оставлять белые пятна в этих местах, надеясь, что это поможет читателям думать, обсуждать и строить свои гипотезы.

Каждая глава книги снабжена списком рекомендованной литературы, которая включает два типа источников. Чтобы дать возможность читателю восстановить логику открытий, приведены пионерские работы в данной области. Для расширения представлений и углубления знаний по отдельным вопросам в списке литературы даются обзоры и ряд фундаментальных статей последних лет.

Хотелось бы указать на одну трудность формального характера, с которой пришлось столкнуться при написании книги. Дело в том, что в отечественной биохимической литературе

все еще нет устоявшейся системы буквенных сокращений целого ряда соединений, и, в частности, некоторых специальных белков, нуклеиновых кислот и нуклеотидов; для некоторых оставлена латинская (англо-американская) символика — EF-G, IF-2 и т. д., для других давно используется русская — мРНК, тРНК, ДНК, а для третьих обе — АТР или АТФ, poly(U) или полиУ и т. п. Трудности возникают при написании уравнений, комплексов и смесей, где фигурируют и те, для которых принята русская символика, и те, которые пишутся только латинскими буквами. Пришлось всюду в написании уравнений, комплексов и смесей придерживаться единой — латинской — символики, и лишь по тексту сохранить возможно больше русских обозначений.

Иллюстрирование учебного курса представляет собой, пожалуй, наиболее сложную и ответственную задачу. В данной книге автор постарался не воспроизводить стандартные схемы и рисунки из других учебников, обзоров и монографий, а сделать свои. В окончательном изготовлении схематических рисунков, которые были приготовлены в виде эскизов, оказал огромную помощь Отдел научной информации (зав. А. Г. Райхер) Института белка АН СССР; автор особенно признателен П. В. Завозиной и В. И. Невской за выполнение чертежных работ. Иллюстрирование книги рисунками стереохимических моделей и оригинальными электронными микрофотографиями было бы невозможно без непосредственного участия сотрудников Института белка АН СССР В. И. Лима и В. Д. Васильева. Более того, они были постоянными консультантами при написании соответствующих разделов. Молодые сотрудники института Андрей Каява, Дмитрий Ляхов, Ольга Селиванова и Сергей Рязанцев также внесли свой труд в рисование и фотографирование.

Автор очень признателен целому ряду коллег, особенно В. И. Аголу, А. А. Богданову, Л. А. Воронину, А. С. Гиршовичу, А. Т. Гудкову, А. В. Ефимову, Л. Л. Киселеву, Н. А. Киселеву, Д. Г. Кнорре, А. А. Краевскому, М. К. Кухановой, О. Б. Птицыну, Е. И. Шахновичу и В. С. Шварцу, сделавшим ценные замечания по отдельным разделам рукописи. Хотелось бы поблагодарить также Л. А. Козлову, Т. Б. Кувшинкину, Р. Ф. Макарову, Л. Н. Рожанскую и М. С. Шелестову за большой организационный и технический вклад в подготовку рукописи к изданию. Автор заранее благодарен всем, кто пришлет свои замечания и пожелания для улучшения книги.

Академик А. С. Спирин



Вводная

Глава I

ОБЩАЯ СХЕМА БИОСИНТЕЗА БЕЛКА

Во всех живых клетках белки синтезируются *рибосомами*. Рибосома представляет собой крупную макромолекулу со сложной асимметричной четвертичной структурой, построенной из рибонуклеиновых кислот (*рибосомных РНК*) и белков. Для того чтобы синтезировать белок, рибосома должна быть снабжена а) программой, задающей порядок чередования аминокислотных остатков в полипептидной цепи белка; б) аминокислотным материалом, из которого надлежит строить белок; в) энергией. Сама рибосома обладает каталитической (энзиматической) функцией, ответственной за образование пептидных связей и, соответственно, полимеризацию аминокислотных остатков в полипептидную цепь белка.

Программа, задающая порядок чередования аминокислотных остатков в полипептидной цепи белка, исходит от дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК), т. е. из генома клетки. Отдельные участки двутяжевой ДНК, называемые *генами*, являются матрицами для синтеза на них однотяжевых цепей РНК. Синтезированные цепи РНК комплементарны одной из цепей ДНК и, таким образом, точно воспроизводят дезоксирибонуклеотидную последовательность другой цепи ДНК в своей рибонуклеотидной последовательности. Процесс такого копирования гена, осуществляемый ферментом РНК-полимеразой, получил название *транскрипции*. РНК в течение синтеза и после него, особенно в эукариотических клетках, может подвергаться ряду дополнительных изменений, называемых *процессингом*, в ходе которых из нее могут быть вырезаны определенные куски нуклеотидной последовательности. Получающаяся РНК поступает далее в рибосомы в качестве программы, определяющей аминокислотную последовательность в синтезируемом белке. Она называется *информационной* или «*мессенджер*» РНК (мРНК). Таким образом, именно транскрипция генов и образование мРНК обеспечивают поток информации от ДНК к рибосомам.

Исходным материалом, из которого строится белок, являются аминокислоты. Однако свободные аминокислоты не используются рибосомой. Для того чтобы служить субстратом для рибосомы, аминокислота должна быть **активирована** с участием сопряженного расщепления АТФ и **акцептирована** (ковалентно присоединена) спе-

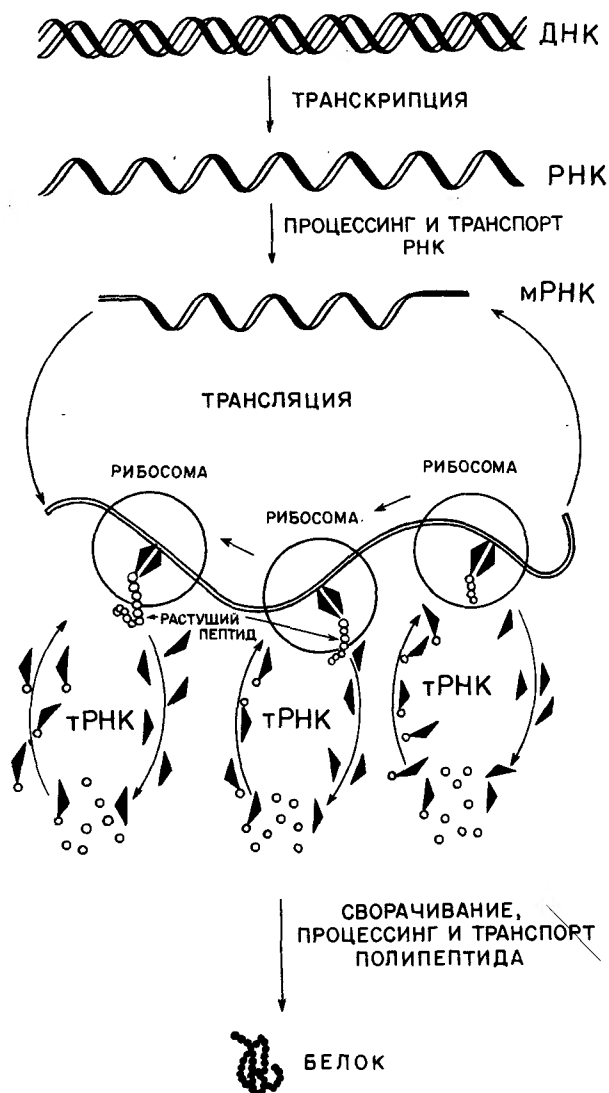


Рис. 1. Общая схема биосинтеза белка («ДНК → РНК → белок»)

циальной молекулой РНК, называемой *трансферной* или *транспортной РНК* (тРНК), с помощью фермента аминоксил-тРНК-синтетазы. Получающиеся аминоксил-тРНК поступают в рибосому в качестве субстрата для синтеза белка. Кроме того, энергия химической связи между аминокислотным остатком и тРНК используется для реакции образования пептидной связи в рибосоме. Таким образом, активация аминокислот и образование аминоксил-тРНК обеспечивают поток как материала, так и энергии для рибосомного синтеза белка.

Эти три потока (информации, материала и энергии) встречаются в рибосоме. Воспринимая их, рибосома осуществляет перевод, или *трансляцию*, генетической информации с языка нуклеотидной последовательности мРНК на язык аминокислотной последовательности синтезируемой полипептидной цепи белка. Если представить это в молекулярных терминах, то рибосома последовательно сканирует цепь мРНК (движется вдоль нее) и тоже последовательно выбирает из среды аминоацил-тРНК, в результате чего специфичность аминоацильного остатка выбираемой рибосомой аминоацил-тРНК каждый раз детерминируется специфичностью комбинации нуклеотидов считываемого в данный момент рибосомой отрезка мРНК. Таким образом, возникает проблема *генетического кода*: какие комбинации нуклеотидов детерминируют, т.е. кодируют, каждую из 20 аминокислот, из которых строятся молекулы белков?

Движение рибосомы вдоль цепи мРНК (или, другими словами, пропускание цепи мРНК сквозь рибосому) задает строгий временной порядок вхождения в рибосому разных аминоацил-тРНК в соответствии с порядком расположения кодирующих нуклеотидных комбинаций вдоль мРНК. Аминоацильный остаток выбранной аминоацил-тРНК каждый раз ковалентно присоединяется рибосомой к растущей полипептидной цепи. Деацилированная тРНК освобождается из рибосомы в раствор. Так последовательно, шаг за шагом, строится полипептидная цепь белка.

Общая схема биосинтеза белка, изложенная выше, представлена на рис. 1.

Рекомендуемая литература

Живая клетка: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1966. С. 51—66.

Уотсон Дж. Д. Молекулярная биология гена: Пер. с англ. М.: Мир, 1978.

Шульц Г., Ширмер Р. Принципы структурной организации белков: Пер. с англ./Под ред. Е. М. Попова. М.: Мир, 1982.

Lewin B. Genes. John Wiley & Sons, N. Y., 1983.

Глава II.

ИНФОРМАЦИОННАЯ РНК И ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД

1. ОТКРЫТИЕ мРНК

Вскоре после открытия и окончательного признания генетической роли ДНК (1944—1953) стало ясно, что ДНК не является непосредственной матрицей для синтеза полипептидных цепей белков. С другой стороны, целый ряд ранних наблюдений приводил к мысли о непосредственной связи РНК с синтезом белков в клетке. По-видимому, отсюда родилось представление о том, что РНК должна быть посредником, осуществляющим перенос генетической информации от ДНК к белкам, и, следовательно, что именно РНК может быть

матрицей для полимеризации аминокислотных остатков (ДНК $\rightarrow$ РНК $\rightarrow$ белок).

Приблизительно в то же самое время были открыты белок-синтезирующие рибонуклеопротеидные частицы клетки, названные позднее рибосомами (см. гл. А. IV), и установлено, что их РНК составляет подавляющую часть тотальной клеточной РНК. Поэтому казалось естественным, что гены транскрибируются в рибосомные РНК, и именно рибосомные РНК являются матрицами для синтеза белков (гипотеза: «один ген — одна рибосома — один белок»). Чтобы проверить эту гипотезу, А. Н. Белозерским и А. С. Спириным в 1956—1957 гг. был проведен сравнительный анализ нуклеотидного состава ДНК и РНК у широкого круга микроорганизмов. Состав ДНК очень различается у разных групп микроорганизмов и, в соответствии с идеей «ДНК $\rightarrow$ РНК $\rightarrow$ белок», ожидалось, что состав тотальной РНК будет варьировать так же, отражая состав ДНК. Однако результат был полностью неожиданным: несмотря на громадные различия в составе ДНК от вида к виду, состав тотальной РНК был похож у всех изученных бактерий и не повторял состава ДНК. Это наводило на мысль, что основная масса клеточной РНК, т. е. рибосомная РНК, не является прямым посредником между ДНК и синтезом белков.

В то же время проведенные анализы состава РНК показали, что он не идентичен у разных видов и что при больших различиях в составе ДНК можно заметить небольшой сдвиг в составе РНК в ту же сторону. Другими словами, была открыта положительная корреляция составов ДНК и РНК у микроорганизмов. Отсюда было сделано заключение о существовании в клетках особой **небольшой фракции РНК**, состав которой повторяет состав ДНК и которая могла бы служить посредником между генами и белоксинтезирующими частицами.

Независимо Э. Волкин и Ф. Асрачан (1956) изучали синтез РНК в бактериях, зараженных ДНК-содержащим бактериофагом Т2. После заражения бактерии перестают синтезировать свои белки, и весь белковый синтез клетки переключается на продукцию белков фага. Оказалось, что основная часть РНК клетки-хозяина при этом не изменяется, но в клетке начинается продукция **небольшой фракции** метаболически нестабильной (короткоживущей) РНК, нуклеотидный состав которой подобен составу ДНК фага.

Через несколько лет, в 1961 г., эта **небольшая фракция РНК** (ДНК-подобная РНК) была вычленена из общей массы РНК, а ее функция как посредника, переносящего информацию от ДНК к рибосомам, была продемонстрирована в прямых экспериментах С. Бреннера, Ф. Жакоба и М. Меселсона, с одной стороны, и Ф. Гро и Дж. Уотсона с сотр. с другой, а также в опытах С. Спигелмана с сотр. Было показано, что ДНК-подобная РНК, образующаяся после инфекции бактерии фагом Т4, связывается со старыми хозяйскими рибосомами клетки (новых рибосом после заражения не образуется). Рибосомы, несущие эту РНК, синтезируют фаговые белки. Эта РНК может быть легко отделена от рибосом в условиях *in vitro*, без разрушения рибосом. Она действительно оказалась комплементарной одной из цепей фаговой ДНК.

В том же году идею о том, что не стабильная (структурная) рибосомная РНК, а специальная короткоживущая информационная РНК переносит информацию от генов к рибосомам и является непосредственной матрицей для последовательной расстановки аминокислот в процессе биосинтеза белка, высказали Ф. Жакоб и Ж. Моно на основании данных по генетической регуляции у бактерий. Название *РНК-посредник* или *информационная РНК* (messenger RNA) было принято во всех последующих исследованиях.

2. РАСШИФРОВКА КОДА

После открытия мРНК (1956—1961) предстояло выяснить тот код, которым аминокислотная последовательность белков записана в виде рибонуклеотидной последовательности мРНК и, следовательно, в исходной дезоксирибонуклеотидной последовательности одной из двух цепей ДНК.

Априорные соображения уже давно заставляли предполагать, что каждая аминокислота должна кодироваться, по крайней мере, триплетом нуклеотидов. Действительно, имеется 20 природных аминокислот, из которых строятся белки (рис. 2). В то же время нуклеиновые кислоты построены всего из 4 сортов нуклеотидных остатков (см. рис. 4), их азотистыми основаниями являются аденин (А), гуанин (G), цитозин (С) и либо урацил (U) в РНК, либо тимин (Т) в ДНК. Ясно, что один нуклеотид не может кодировать одну аминокислоту (4 против 20). Возможных динуклеотидных комбинаций (дуплетов) может быть 16, что опять-таки недостаточно для кодирования 20 аминокислот. Следовательно, минимальное количество остатков в нуклеотидной комбинации, кодирующей одну аминокислоту, может быть три, т. е. аминокислоты должны кодироваться, скорее всего, *нуклеотидными триплетами*. Общее количество возможных триплетов составляет 64, что с избытком хватает для кодирования 20 аминокислот.

Ситуация с избыточными триплетами могла бы быть двоякой: либо только 20 триплетов являются значащими, т. е. кодируют ту или иную аминокислоту, а остальные 44 бессмысленны, либо аминокислота может кодироваться более чем одним триплетом, и тогда код является *вырожденным*.

Далее, триплетный код мог бы быть либо перекрывающимся, когда один и тот же нуклеотид участвует в трех (сильно перекрывающихся) и двух (менее перекрывающихся) кодирующих триплетах, либо неперекрывающимся, когда в цепи нуклеиновой кислоты независимые кодирующие триплеты примыкают друг к другу или даже разделены не кодирующими нуклеотидами. Однако тот факт, что точечная мутация (изменение одного нуклеотида в цепи нуклеиновой кислоты) приводит, как правило, к замене только одной аминокислоты в белке, говорил против идеи перекрывающегося кода. Кроме того, перекрывающийся код неизбежно влек бы за собой ограничения в возможных аминокислотных соседях вдоль полипептидной цепи, чего не

Кодоны: Аминокислотные
остатки:

Аминокислотные Кодоны:
остатки:

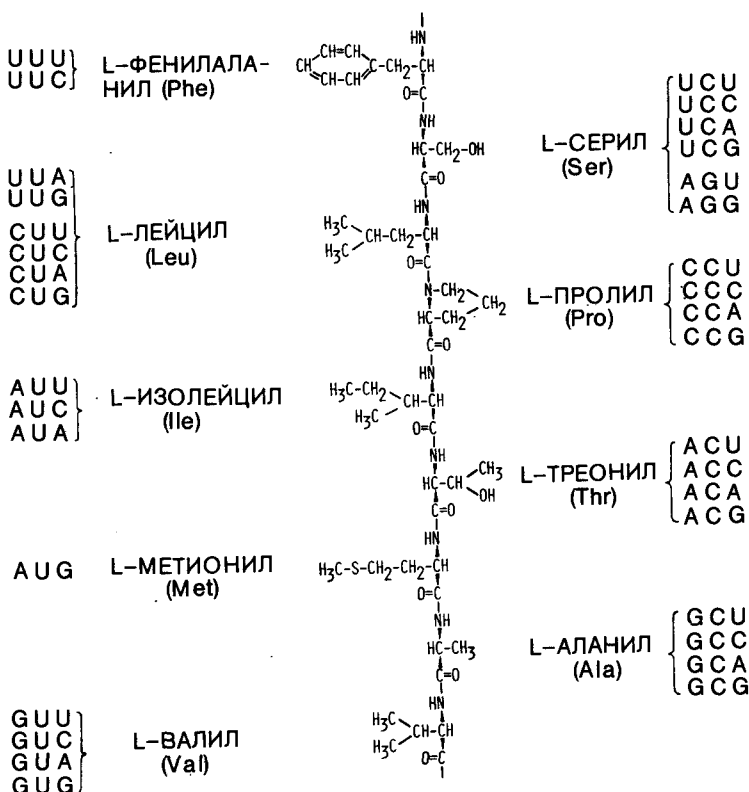


Рис. 2. Аминокислотные остатки белков и их кодоны

наблюдалось из анализа первичных структур белков. Следовательно, *неперекрывающийся* код казался более вероятным.

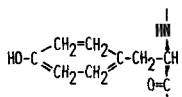
Наконец, необходимо было знать, разделены ли значащие триплеты незначащими остатками («запятые») или триплеты читаются вдоль цепи подряд, т. е. имеет место *код без запятых*. В последнем случае возникает проблема фазы или рамки считывания матричной цепи нуклеиновой кислоты: только начало считывания с точно определенной точки полинуклеотидной цепи и дальнейшее сканирование цепи строго подряд по триплетам могло дать однозначную последовательность аминокислот.

Классические эксперименты Ф. Крика и С. Бреннера с сотр. (1961) доказали, что код является триплетным, вырожденным, неперекры-

Кодоны: Аминокислотные
остатки:

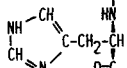
Аминокислотные Кодоны:
остатки:

UAU } L-ТИРОЗИЛ
UAC } (Tyr)



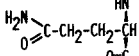
L-ЦИСТЕИНИЛ { UGU
(Cys) { UGC

CAU } L-ГИСТИДИЛ
CAC } (His)



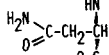
L-ТРИПТОФА- UGG
НИЛ (Trp)

CAA } L-ГЛУТАМИНИЛ
CAG } (Gln)



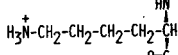
L-АРГИНИЛ { CGU
(Arg) { CGC
{ CGA
{ CGG
{ AGA
{ AGG

AAU } L-АСПАРАГИНИЛ
AAC } (Asn)



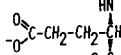
глицил { GGU
(Gly) { GGC
{ GGA
{ GGG

AAA } L-ЛИЗИЛ
AAG } (Lys)



L-АСПАРТИЛ { GAU
(Asp) { GAC

GAA } L-ГЛУТАМИЛ
GAG } (Glu)



вающимся, без запятых. Схема экспериментов состояла в следующем. С помощью химических агентов, вызывающих либо вставку, либо делецию нуклеотидного остатка при редупликации ДНК (профлавин и другие акридиновые красители), были получены многочисленные мутанты по определенному гену (ген в области rII) бактериофага Т4. Вставка или делеция нуклеотида в начальном участке гена приводила к полной утрате его экспрессии. Путем рекомбинации ДНК различных мутантных фагов в клетках *Escherichia coli* можно было получить фенотипические ревертанты, где ген снова экспрессировался. Анализ рекомбинантов показал, что экспрессия гена восстанавливалась, если недалеко от участка со вставкой вводился участок с делецией, или наоборот. Экспрессия гена восстанавливалась также,

если недалеко от участка со вставкой (или делецией) вводились еще две вставки (или, соответственно, делеции). Таким образом, а) вставка (или делеция) одного нуклеотида в начале кодирующего участка цепи ДНК приводила, по-видимому, к утрате всего последующего кодирующего смысла данного гена (а не к точечной мутации) вследствие сдвига рамки считывания; б) делеция (или вставка) вблизи вышеуказанной вставки (или, соответственно, делеции) восстанавливала кодирующий смысл последующей последовательности в гене за счет восстановления рамки считывания после нее, и в) три, но не менее, близко расположенные вставки (или делеции) также обеспечивали исходный кодирующий смысл следующей за ними нуклеотидной последовательности. Отсюда следует, что код является триплетным, и триплеты считываются последовательно, без «запятых», со строго фиксированной точки, в одной и той же фазе. Эти же опыты указывали, что код вырожден: если бы большая часть из 64 возможных триплетов была бессмысленной, то существовала бы высокая вероятность появления хоть одного бессмысленного триплета в участке между вставкой и делецией или между тремя вставками, где чтение происходит со сдвигом рамки (в другой фазе), что прерывало бы непрерывность полипептидной цепи белка-продукта.

Расшифровка смысла нуклеотидных триплетов началась также в 1961 г., когда М. Ниренберг и Г. Маттей открыли кодирующие свойства синтетических полирибонуклеотидов при их использовании вместо природных мРНК в бесклеточных системах трансляции. Возможность получения синтетических полирибонуклеотидов различного состава с помощью специального фермента, полинуклеотидфосфорилазы, была впервые продемонстрирована М. Грюнберг-Маного в лаборатории С. Очоа за несколько лет до этого. Состав синтезированного полинуклеотида в описанной ими реакции зависел только от набора рибонуклеозиддифосфатов в качестве субстратов; простейшими синтезированными полирибонуклеотидами были гомополинуклеотиды, такие как полиуридиловая кислота, полиадениловая кислота и полицитидиловая кислота, получаемые из УДФ, АДФ или ЦДФ, соответственно. Используя поли (U) в качестве матричного полинуклеотида для рибосомы *E. coli*, М. Ниренберг и Г. Маттей показали, что синтезирующимся полипептидным продуктом является полифенилаланин. Отсюда вытекало, что триплет UUU кодирует фенилаланин. Таким же образом в опытах с полиадениловой и с полицитидиловой кислотами было показано, что AAA кодирует лизин, а CCC — пролин.

Дальнейшая расшифровка кода была основана на использовании синтетических статистических гетерополинуклеотидов определенного состава, задаваемого набором и соотношением субстратных нуклеозиддифосфатов в полинуклеотидфосфорилазной реакции. Так, было показано, что статистический сополимер поли(U, C) кодирует включение в полипептидную цепь четырех аминокислот: фенилаланина, лейцина, серина и пролина. Если соотношение U : C в полинуклеотиде было 1 : 1, то все четыре аминокислоты включались в полипептид

с равной вероятностью. Если соотношение U : C было 5 : 1, то вероятность включения аминокислот располагались в последовательности Phe > Leu = Ser > Pro. Следовательно, фенилаланин должен кодироваться триплетами, состоящими из трех U и из двух U и одного C; лейцин и серин — триплетами, состоящими из двух U и одного C и из двух C и одного U; пролин — триплетами из трех C и из двух C и одного U. К сожалению, этот метод мог дать только состав кодирующих триплетов, но не их нуклеотидную последовательность, так как нуклеотидная последовательность используемых матричных полинуклеотидов была статистической.

Тем не менее, нуклеотидные последовательности кодирующих триплетов были вскоре расшифрованы благодаря изобретению М. Ниренбергом и Ф. Ледером новой техники их тестирования. Оказалось, что кодирующими свойствами обладает индивидуальный тринуклеотид: будучи ассоциирован с рибосомой, он приводит к избирательному связыванию рибосомой определенной аминоксил-тРНК из среды. Так, например, триплеты UUU и UUC давали в результате связывание с рибосомой фенилаланил-тРНК, триплеты UCU и UCC индуцировали связывание серил-тРНК, триплеты CUU и CUC — лейцил-тРНК и триплеты CCU и CCC — пролил-тРНК. К 1964 г. методы ферментативного и химического синтеза тринуклеотидов заданной последовательности уже существовали, и тестирование широкого набора тринуклеотидов в течение последующих двух лет привело к расшифровке практически всего кода (см. рис. 3).

Финалом этой истории было использование синтетических полинуклеотидов с регулярной нуклеотидной последовательностью в качестве матриц в бесклеточных системах синтеза полипептидов на рибосомах. Методы синтеза регулярных полинуклеотидов были разработаны Г. Хорана, и им же генетический код был прямо проверен путем использования их как матриц. В полном соответствии с кодом, использование поли(UC)_n в качестве матрицы дало полипептид, построенный из чередующихся серина и лейцина, а поли(UG)_n приводил к синтезу регулярного полипептидного сополимера с чередующимися валином и цистеином. Поли (AAG)_n кодировал синтез трех гомополимеров: полилизина, полиаргинина и полиглутаминовой кислоты.

3. НЕКОТОРЫЕ ОСОБЕННОСТИ КОДОВОГО СЛОВАРЯ

На рис. 3 дан полный кодовый словарь. Из 64 триплетов, получивших название *кодонов*, 61 являются «значащими» (смысловыми) в том смысле, что кодируют аминокислоты. Только 3 кодона — UAG («янтень»), UAA («охрана») и UGA («опал») — не кодируют никакой аминокислоты и потому иногда называются «бессмысленными». Роль «бессмысленных» триплетов в трансляции очень важна, так как в мРНК они служат сигналом терминации синтеза полипептидной цепи белка; в настоящее время их обычно называют *терминаторными* кодонами.

Вырожденность кода распространяется не на все аминокислоты.

Вторая буква

Первая буква	Вторая буква				Третья буква
	U	C	A	G	
	U UUU Phe UUC UUA Leu UUG	U UCU Ser UCC UCA UCG	U UAU Tyr UAC UAA Ochre UAG Amber	U UGU Cys UGC UGA Opal UGG Trp	U C A G
	C CUU Leu CUC CUA CUG	C CCU Pro CCC CCA CCG	C CAU His CAC CAA Gln CAG	C CGU Arg CGC CGA CGG	C A G
	A AUU Ile AUC AUA Met AUG	A ACU Thr ACC ACA ACG	A AAU Asn AAC AAA Lys AAG	A AGU Ser AGC AGA Arg AGG	A C A G
	G GUU Val GUC GUA GUG	G GCU Ala GCC GCA GCG	G GAU Asp GAC GAA Glu GAG	G GGU Gly GGC GGA GGG	G C A G

Рис. 3. Кодовый словарь

Так, две аминокислоты — метионин и триптофан — кодируются всего одним кодоном каждая (AUG и UGG, соответственно). С другой стороны, три аминокислоты — лейцин, серин и аргинин — имеют шесть кодонов каждая. Остальные аминокислоты, за исключением изолейцина, кодируются либо двумя, либо четырьмя кодонами; только изолейцину соответствуют три кодона.

Следует обратить особое внимание на то, что триплеты, кодирующие одну и ту же аминокислоту, в большинстве случаев различаются только по третьему нуклеотидному остатку. Лишь в тех случаях, когда аминокислота имеет более четырех кодонов, различия в кодонах затрагивают также первое и второе положения в триплете. Если вся группа четырех кодонов, различающихся только по третьему нуклеотиду, кодирует одну и ту же аминокислоту, то можно говорить о *семье кодонов*. Как видно из рис. 3, имеется восемь таких семей кодонов — для лейцина, валина, серина, пролина, треонина, аланина, аргинина и глицина.

Код, данный на рис. 3, является универсальным для белоксинтезирующих систем бактерий и цитоплазмы всех эукариот, включая животных, грибы и высшие растения. Однако в живой природе имеются также и исключения. По крайней мере белоксинтезирующие системы митохондрий животных (млекопитающих) и грибов обнаруживают ряд отклонений от этого универсального кода. Так, в митохондриях изученных эукариотических организмов триптофан кодируется как UGG, так и UGA; соответственно, UGA не является терминирующим кодоном. В митохондриях млекопитающих (человека) кодоны AGA и AGG — терминирующие и не кодируют аргинин. В митохондриях дрожжей вся кодоновая семья CUU, CUC, CUA и CUG кодирует треонин, а не лейцин (хотя в митохондриях другого гриба, *Neurospora*, они кодируют лейцин, в соответствии с универсальным кодом).

4. СТРУКТУРА мРНК

Первичная структура

В отличие от ДНК, мРНК (как и другие виды клеточной РНК) представляет собой **одноотяжевой** полинуклеотид. Он состоит из линейно расположенных четырех сортов рибонуклеозидных остатков — аденозина (А), гуанозина (G), цитидина (C) и уридина (U), последовательно соединенных фосфодиэфирными связями между 3'-гидроксилом рибозы одного нуклеозида и 5'-гидроксилом соседнего нуклеозида (рис. 4). Концевой нуклеозид, где 5'-гидроксил не участвует в образовании межнауклеотидной связи, обозначается как 5'-конец РНК, а другой концевой нуклеозид со свободным 3'-гидроксилом называют 3'-концом РНК. Принято писать и читать последовательность нуклеотидных остатков в РНК **от 5'-конца к 3'-концу**, т. е. в направлении межнауклеотидной фосфодиэфирной связи от 3'-гидроксила к 5'-гидроксилу соседа (направление связи 3'—Р—5'). Следует отметить, что именно в этом направлении мРНК читается рибосомой.

В природных мРНК 5'-концевой гидроксил всегда замещен. У прокариотических организмов он просто фосфорилирован либо моно-, либо трифосфатом (рис. 4). Эукариотические мРНК в большинстве случаев несут на концевом 5'-гидроксиле специальную дополнительную группу — так называемый «кэп», представляющий собой модифицированный (N⁷-метилированный) остаток гуанозин-5'-трифосфата, соединенный с концевым нуклеозидом необычным 5'—5'-способом (рис. 5). В эукариотах существует специальная ферментная система, включающая гуанилилтрансферазу и метилтрансферазы, которые осуществляют это «кэппирование» мРНК; «кэппирование» сопровождается также метилированием 2'-гидроксила рибозы и, часто, основания 5'-концевого (примыкающего к «кэпу») нуклеозида (рис. 5). Следует отметить, что 5'-концевыми нуклеозидами в мРНК чаще всего являются пуриновые нуклеозиды (G или A).

3'-концевой гидроксил природных мРНК свободен. Таким образом, на 3'-конце имеется два гидроксила в цисположении (*цис*-гликольная группировка) (рис. 4).

Функциональные участки

Физическая длина цепи мРНК, по-видимому, никогда не равна длине ее кодирующей последовательности. Кодирующая последовательность составляет лишь **часть** общей длины полинуклеотидной цепи мРНК. Во-первых, первому кодону всегда предшествует более или менее протяженная некодирующая 5'-концевая последовательность. Во-вторых, терминирующий кодон никогда не заканчивает цепь мРНК, а за ним всегда следует некодирующая 3'-концевая последовательность. В дополнение к этому, эукариотические мРНК часто (но не всегда) продолжают в длинную некодирующую 3'-концевую полиадениловую последовательность, которая добавляется к мРНК специальным ферментом (полиаденилатполимеразой) после завершения транскрипции.

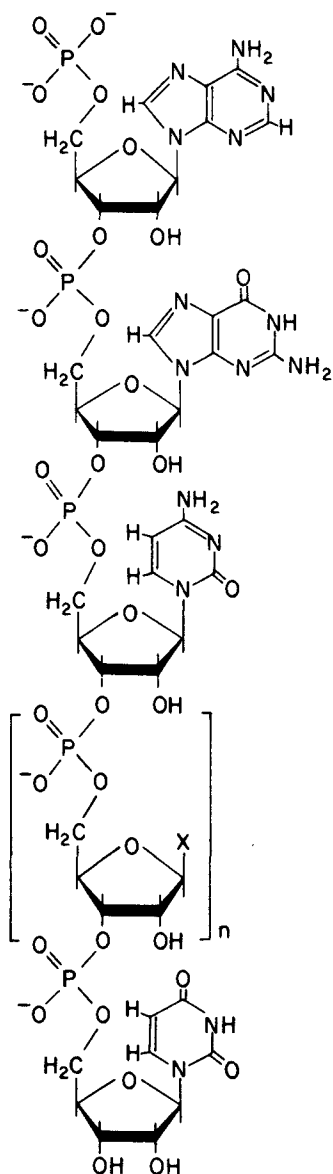


Рис. 4. Нуклеотидные остатки РНК

цепи мРНК, начиная с ее 5'-конца, триплеты AUG и GUG могут неоднократно попадаться как в фазе с последующей кодирующей последовательностью, так и не в фазе, и тем не менее они не иницируют трансляцию. Наконец, многочисленные триплеты AUG и GUG в пределах кодирующей последовательности, но находящиеся

Очень важным является вопрос, что определяет начало кодирующей части нуклеотидной последовательности в пределах цепи мРНК. Известно, что любая полипептидная цепь начинает синтезироваться с N-концевого метионинового остатка и, следовательно, первый кодон на мРНК должен кодировать метионин. Оказалось, что в большинстве случаев такими *инициаторными кодонами* являются AUG, и гораздо реже GUG или UUG. Кодон AUG кодирует метионин в любых случаях — и когда он является первым кодоном кодирующей последовательности мРНК, и когда он является внутренним кодоном. Однако кодон GUG внутри кодирующей последовательности кодирует валин, и только будучи первым в кодирующей последовательности кодирует инициаторный метионин. Инициаторными кодонами, кодирующими инициаторный метионин, могут быть также UUG, AUA, AUU и, возможно, CUG.

Однако идентификация ряда кодонов как инициаторных не решает проблему начала кодирующей части, а ставит ее. Действительно, отнюдь не любой триплет AUG и GUG может стать инициаторным. Внутренние кодоны AUG и GUG, как правило, не могут инициировать трансляцию. При сканировании

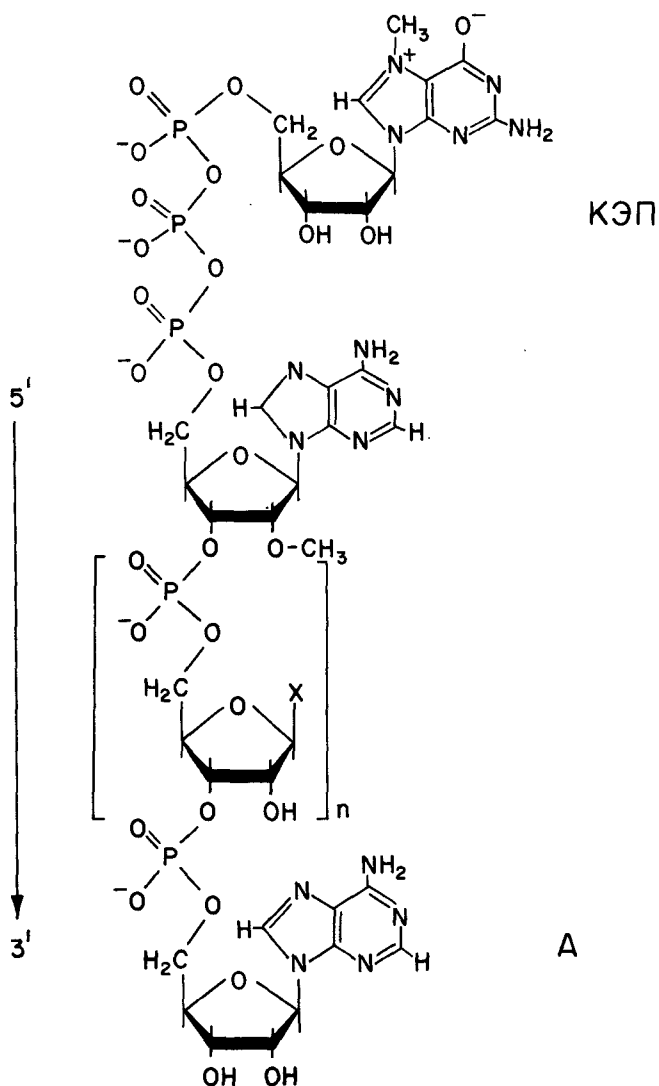


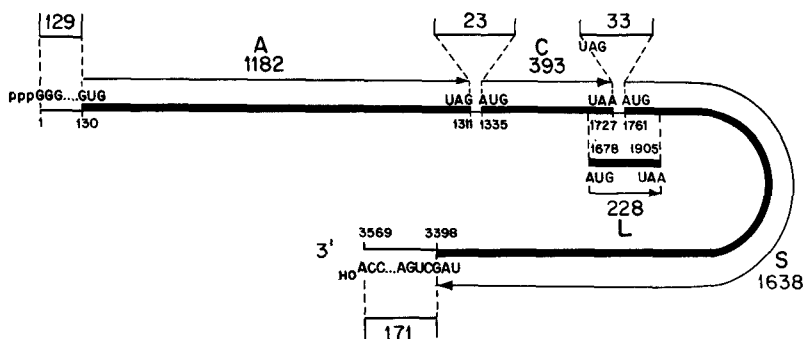
Рис. 5. «Кэп» на 5'-конце эукариотической мРНК

не в фазе, тоже не инициируют синтеза бессмысленных полипептидов. Следовательно, инициаторный кодон, в отличие от всех других кодонов, как кодирующих аминокислоты, так и терминаторных (см. рис. 3), определяется не только его собственной структурой (его составом и последовательностью), но также и его положением в структуре мРНК. Пока окончательно не ясно, какие элементы структуры делают триплет AUG или GUG инициаторным кодоном. Ряд данных указывает на существенную роль нуклеотидной после-

довательности, предшествующей инициаторному кодону (см. гл. BVI). Возможно, что определенная вторичная и третичная структура данного района мРНК необходима, чтобы особым образом экспонировать соответствующий триплет как инициаторный кодон (см. ниже).

Одна полинуклеотидная цепь мРНК не обязательно содержит только одну кодирующую последовательность. Для прокариотических мРНК очень обычно, что одна полинуклеотидная цепь включает кодирующие последовательности для нескольких белков. Такие мРНК получили название *полицистронных мРНК* (происходит от термина «цистрон», введенного С. Бензером как эквивалент гена). Различные кодирующие последовательности (*цистроны*) в пределах одной цепи мРНК обычно разделены некодирующими последовательностями. Такая внутренняя некодирующая последовательность начинается после терминаторного кодона предшествующего цистрона; иногда в ее начале имеется еще один терминаторный кодон, по-видимому, дублирующий терминаторный кодон цистрона на случай почему-либо не состоявшейся терминации. Следующий цистрон снова начинается с инициаторного кодона AUG или GUG.

Хорошим примером полицистронной мРНК является РНК малого РНК-содержащего бактериального вируса (фага) MS2. Фаг MS2 — сферический; он имеет диаметр 2,5 нм и молекулярную массу $3,6 \cdot 10^6$ дальтон. Фаг построен из 180 субъединиц белка оболочки с молекулярной массой 14700 дальтон каждая, одной молекулы так называемого А-белка с молекулярной массой 38000 дальтон и одной молекулы РНК с молекулярной массой 10^6 дальтон. После попадания фага в клетку *E. coli* (а также в бесклеточной системе трансляции) эта РНК служит матрицей для белка оболочки, А-белка и субъединицы РНК-репликазы с молекулярной массой 62000 дальтон, которая в состав фага не входит. Схема расположения соответствующих цистронов вдоль цепи этой мРНК дана на рис. 6. Цепь начинается с G, имеющего трифосфат на своем 5'-гидроксиле. Далее следует длинная некодирующая нуклеотидная последовательность. Общая длина 5'-концевой некодирующей последовательности 129 остатков; в ней встречаются триплеты AUG и GUG, которые, однако, не являются инициаторными. Первый инициаторный кодон, GUG, начинает кодирующую последовательность А-белка (А-цистрон). А-цистрон имеет длину 1179 остатков и заканчивается терминаторным кодоном UAG. Затем идет некодирующая вставка длиной 26 остатков. Следующая кодирующая последовательность начинается с AUG и имеет длину 390 остатков; это — цистрон белка оболочки (С-цистрон). Он оканчивается терминаторным кодоном UAA, и за ним непосредственно следует второй терминаторный кодон UAG. Последовательность длиной 36 остатков отделяет С-цистрон от С-цистрона, кодирующего субъединицу РНК-синтазы. С-цистрон начинается с AUG, имеет длину 1635 остатков и заканчивается UAG. За ним через один остаток (т. е. не в фазе) имеется еще один терминаторный триплет UGA. 3'-концевая некодирующая последовательность имеет общую длину 174 остатка и заканчивается аденозином со свободной *цис*-гликольной группиров-



MS2 РНК

Рис. 6. Схема расположения кодирующих и не кодирующих нуклеотидных последовательностей вдоль цепи РНК фага MS2:

А, С, L и S — цистроны, кодирующие белки «созревания», оболочки, лизиса и репликазы («синтеказы»), соответственно. Крупные цифры указывают количество нуклеотидных остатков в данном отрезке, мелкие — положения нуклеотидных остатков.

кой. Полная первичная структура РНК фага MS2 была определена В. Фирсом с сотр. в 1971—1976 гг.

В связи с рассмотрением РНК фага MS2, следует указать также на другой способ размещения разных кодирующих последовательностей в одной мРНК. Дело в том, что MS2 РНК кодирует еще и четвертый белок, названный белком лизиса, или L-белком (он, по-видимому, участвует в лизисе хозяйской клетки на завершающей фазе инфекции). Этот белок закодирован участком РНК, начинающимся в конце С-цистрона, захватывающим всю 36-нуклеотидную вставку между С-цистроном и S-цистроном и заканчивающимся в пределах S-цистрона; рамка считывания этого перекрывающегося L-цистрона сдвинута вправо на один остаток (+1 сдвиг), так что никакие его участки не транслируются при синтезе С-белка и S-белка. L-цистрон имеет свой инициаторный кодон AUG, не в фазе с кодонами С-цистрона, и, соответственно, свой терминаторный кодон UAA, не в фазе с кодонами S-цистрона. Эта ситуация изображена на рис. 7. Использование перекрывающихся кодирующих последовательностей в пределах одной мРНК встречается, однако, не часто и свойственно, по-видимому, в основном вирусным системам, где экономия места для размещения цистронов играет особенно важную роль.

В отличие от прокариотических мРНК, мРНК эукариот, как правило, *моноцистронны*, т. е. кодируют всего одну полипептидную цепь. Кодирующая последовательность мРНК также фланкирована, как с 5'-конца, так и с 3'-конца, не кодирующими последовательностями. Уже отмечалось, что 5'-конец обычно модифицирован «кэпом» (см. рис. 5), имеющим, по-видимому, значение для первичной (преинициаторной) ассоциации мРНК с рибосомой. Здесь следует указать на возможную разницу в механизме поиска иницирующего

MET GLU THR ARG PHE PRO GLN GLN SER GLN GLN THR PRO ALA SER
 C A G G U C U C U A A A G A U G G A A C C G A U C C U C A G C A A U C G C A G C A A C U C C G G C A U C
 GLN GLY LEU LEU LYS ASP GLY ASN PRO ILE PRO SER ALA ILE ALA ALA ASN SER GLY ILE

1678

THR ASN ARG ARG PRO PHE LYS HIS GLU ASP TYR PRO CYS ARG ARG GLN GLN ARG SER
 U A C U A A U A G A C G C C G G C C A U U C A A C A U G A G G A U U A C C C A U G U C G A A G A C A C A A A G A A G
 TYR MET SER LYS THR THR LYS LYS

SER THR LEU TYR VAL LEU ILE PHE LEU ALA ILE PHE LEU SER LYS PHE THR ASN GLN LEU
 U U C A A C U C U U A U G A U U G A U C U C C G C G A U C U U C U C U C G A A A U U U A C C A A U C A A U U
 PHE ASN SER LEU CYS ILE ASP LEU PRO ARG ASP LEU SER LEU GLU ILE TYR GLN SER ILE

LEU LEU SER LEU LEU GLU ALA VAL ILE ARG THR VAL THR THR LEU GLN GLN LEU LEU THR
 G C U C U G U C G C U A C U G G A G C G G U G A U C C G C A C A G U G A C G A C U U U A C A G C A A U U G C U U A C U A A
 ALA SER VAL ALA THR GLY SER GLY ASP PRO HIS SER ASP PHE THR ALA ILE ALA TYR LEU

1902

Рис. 7. Нуклеотидная последовательность, кодирующая L-белок фага MS2, начиная с нуклеотидного остатка 1678:

Аминокислотная последовательность L-белка указана над, а последовательности конца С-белка и начала S-белка под нуклеотидной последовательностью (по M. N. Beremand, T. Blumenthal, Cell, 1979, v. 18, p. 257-266)

кодона в прокариотической и эукариотической системах трансляции: прокариотические рибосомы ассоциируют с мРНК и узнают иницирующий кодон независимо от 5'-конца, и поэтому широко используют «внутреннюю» инициацию в полицистронных мРНК; в противоположность этому, эукариотические рибосомы обычно нуждаются в 5'-конце мРНК для ассоциации с ней, и «кэп», вероятно, способствует такой ассоциации (см. гл. В.VII). Считается, что в большинстве случаев в эукариотических системах первый AUG кодон от 5'-конца является инициаторным. 3'-конец эукариотических мРНК часто неопределен: длина 3'-концевой некодирующей последовательности может варьировать у разных молекул одной и той же мРНК. Кроме того, как уже отмечалось, подавляющая часть эукариотических мРНК несет на 3'-конце полиадениловые последовательности варьирующей длины.

Пространственная структура

Что касается пространственной (трехмерной) структуры мРНК, то, к сожалению, в настоящее время она не установлена ни в одном случае. Из измерений различных физических параметров некоторых мРНК ясно, что они представляют собой сильно свернутые структуры, с большим количеством внутримолекулярных взаимодействий между азотистыми основаниями типа Уотсон-Криковского комплементарного спаривания. Хотя мРНК не являются двойными спиралями типа ДНК, они обнаруживают развитую вторичную структуру за счет комплементарного спаривания отдельных участков одной и той же цепи друг с другом, с образованием большого набора относительно коротких двуспиральных участков. Около 70% всех нуклеотидных остатков в цепи участвует в комплементарном спаривании и, соответственно, в формировании внутримолекулярных спиралей. Большая часть двуспиральных участков образуется, по-видимому, за счет комплементарного спаривания смежных отрезков полинуклеотидной цепи; схема формирования таких коротких двойных спиралей дана на рис. 8. Комплементарное спаривание далеко отстоящих отрезков цепи должно приводить к дополнительному сильному складыванию структуры и формированию компактных доменов в мРНК, как показано на рис. 9. В основе этих взаимодействий, формирующих вторичную структуру мРНК, лежат спаривания А с U и G с C (Уотсон-Криковские пары), а также, по-видимому, G с U (см. рис. 19). О взаимодействиях, формирующих третичную структуру, и о самом характере третичной структуры мРНК ничего не известно.

В то же время имеется целый ряд указаний на роль вторичной и третичной структуры мРНК в трансляции. Уже отмечалось, что пространственная структура инициаторного участка мРНК может быть важной или даже решающей, чтобы триплет AUG (или GUG) мог играть роль инициаторного кодона. По-видимому, необходимо, чтобы собственно инициаторный триплет либо вовсе не был вовлечен в Уотсон-Криковское спаривание с другими нуклеотидами мРНК, либо участвовал в слабом (нестабильном) комплементарном спаривании. Другими словами, инициаторный кодон должен быть либо уже открыт, либо легко открываться для взаимодействия с инициаторной тРНК на рибосоме. Из предсказания вторичной

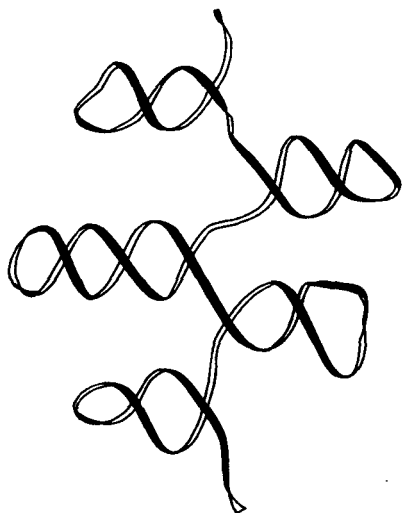


Рис. 8. Схема формирования вторичной структуры (двуспиральных шпильек) путем спаривания смежных отрезков полинуклеотидной цепи РНК

структуры на основании взаимной комплементарности смежных участков цепи следует, что неспаренный AUG триплет действительно имеется в начале цистрона белка оболочки фага MS2 РНК (рис. 10); этот триплет расположен как раз на верхушке двуспиральной шпильки, образуя петлю. Именно он, как известно, является преимущественным местом инициации синтеза белка на MS2 РНК. Интересно, что инициация на инициаторных кодонах других цистронов MS2 РНК идет значительно менее эффективно. Это согласуется с тем, что например, инициаторный триплет AUG цистрона субъединицы РНК-синтетазы входит в состав двуспирального участка, который, по-видимому, не очень стабилен, так как короток и дефектен, но тем не менее тормозит его проявление в инициации. Существование вторичной структуры в районе, захва-

тывающем терминаторный кодон цистрона белка оболочки и инициаторный кодон цистрона синтетазы, было прямо показано в экспериментах Дж. Стейтс и Д. Кротерса с соответствующим фрагментом РНК родственного бактериофага R17 (рис. 11).

По-видимому, стабилизация двуспирального участка с участием инициаторного триплета либо за счет третичной структуры РНК, либо в результате специфического присоединения РНК-связывающего белка, может полностью блокировать инициацию в данном участке. Так, очень похоже, что в MS2 РНК, а также в РНК родственных фагов R17, f2 и др. третичной структурой заблокированы инициаторные триплеты как А-цистрона, так и S-цистрона. Инициация на А-цистроне происходит, вероятно, лишь в процессе синтеза РНК, когда полная пространственная структура еще не сформирована. Инициация на S-цистроне имеет место в процессе трансляции предшествующего С-цистрона: рибосомы, считывая С-цистрон, расплетают РНК, освобождая участок с инициаторным триплетом S-цистрона из какого-то более стабильно свернутого состояния. Когда появляются готовые молекулы белка оболочки фага, снова происходит выключение инициации S-цистрона: белок оболочки фага имеет специфическое сродство к нестабильной спирали, содержащей инициаторный AUG триплет (рис. 11), и, связываясь с ним, стабилизирует спираль.

После того как инициация трансляции состоялась, рибосомы могут читать мРНК более или менее независимо от ее вторичной и третичной структуры, очевидно, последовательно расплетая ее по мере прохождения вдоль цепи (разумеется, после прохождения рибосомы участки цепи вновь свертываются). В то же время пока ничего не известно о роли вторичной и третичной структуры мРНК в скорости считывания цепи (скорости элон-

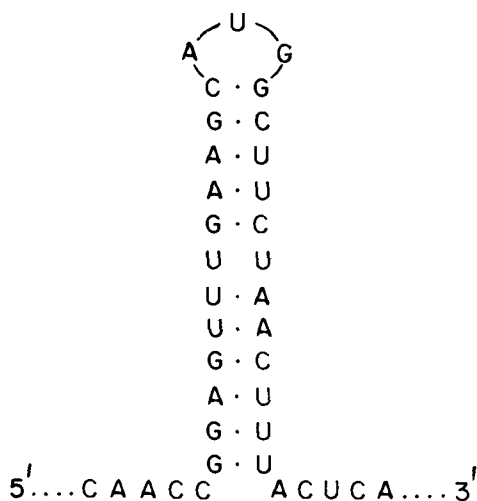


Рис. 10. Схема вероятной вторичной структуры (двуспиральной шпильки) участка РНК фага MS2, содержащего инициаторный кодон AUG цистрона белка оболочки фага (по J. A. Steitz, *Nature*, 1969, v. 224, p. 957-964)

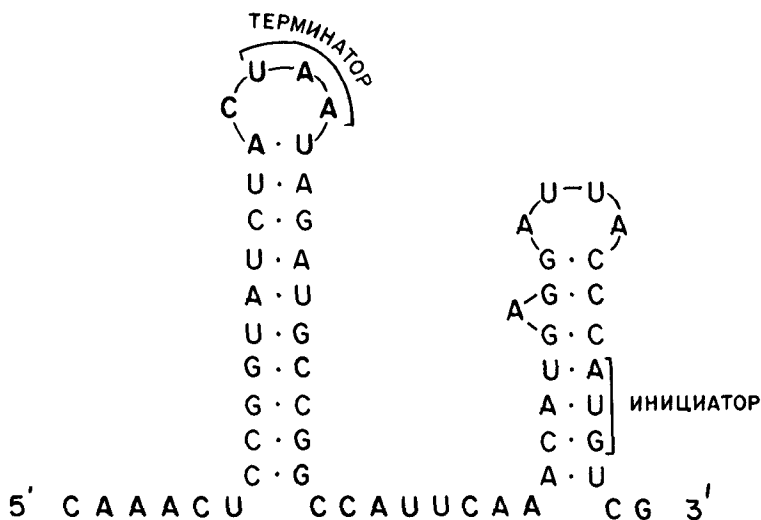


Рис. 11. Схема вторичной структуры фрагмента РНК фага R17, охватывающего конец цистрона белка оболочки и начало цистрона синтетазы (по J. Gralla et al. *Nature*, 1974, v. 248, p. 204-208).

гации полипептида). Известно, что эта скорость неравномерна, и не исключено, что она зависит от стабильности вторичной и третичной структуры участков мРНК (см. гл. В. V).

Следует обратить особое внимание на некодирующие последовательности в мРНК. Их значение, в частности, может состоять в детерминации специальных пространственных (вторичных и третичных) структур, регулирующих инициацию трансляции, элонгацию и переход рибосом от одного цистрона к другому, а также присоединение к мРНК специальных узающих белков, воздействующих на трансляцию.

Рекомендуемая литература

- Биологическое воспроизведение макромолекул*: Пер. с англ./Под ред. В. Л. Рыжкова. М.: ИЛ, 1960. С. 209–246.
- Биосинтез белка и его регуляция*: Пер. с англ./Под ред. Я. М. Варшавского. М.: Мир, 1967. С. 105–125; 237–258.
- Живая клетка*: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: ИЛ, 1962. С. 203–221.
- Молекулы и клетки*: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1968. С. 48–60.
- Нуклеиновые кислоты*: Пер. с англ./Под ред. А. Н. Белозерского. М.: Мир, 1965. С. 153–244.
- Регуляторные механизмы клетки*: Пер. с англ./Под ред. И. Б. Збарского. М.: Мир, 1964. С. 111–133; 150–163; 164–195; 278–306; 477–497.
- Структура и функция клетки*: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1964. С. 9–55.
- Ияс М. Биологический код*: Пер. с англ. яз. М.: Мир, 1971.
- Спири А. С., Белозерский А. Н., Шугаева Н. В., Ванюшин В. Ф.* Изучение видовой специфичности нуклеиновых кислот у бактерий. — *Биохимия*, 1957. Т. 22, № 4. С. 744–754.
- The Genetic Code*. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1966, v. 31.
- The Mechanism of Protein Synthesis*. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1969, v. 34.
- Bosch L., ed. The Mechanism of Protein Synthesis and Its Regulation*. Amsterdam, London: North-Holland, 1972, p. 395–464; 487–514.
- Cohn W. E., Volkin E., eds. mRNA: The Relation of Structure to Function*. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1976, v. 19.
- Davidson J. N., Cohn W. E., eds. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology*. N. Y.: Acad. Press, 1967, v. 7, p. 107–172.
- Slonimski P., Borst P., Attardi G., eds. Mitochondrial Genes*. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1982.
- Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis*. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 555–601.
- Woese C. R. The Genetic Code: the Molecular Basis for Genetic Expression*. N. Y.: Harper & Row, 1967.
- Avery O. T., MacLeod C. M., McCarty M.* Studies in the Chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. — *J. Exptl. Med.*, 1944, v. 78, p. 137–158.
- Belozersky A. N., Spirin A. S.* A correlation between the compositions of deoxyribonucleic and ribonucleic acids. — *Nature*, 1958, v. 182, p. 111–112.
- Brenner S., Jacob F., Meselson M.* An unstable intermediate carrying information from genes to ribosomes for protein synthesis. — *Nature*, 1961, v. 190, p. 576–581.
- Crick F. H. C.* The present position of the coding problem. — *Brookhaven Symp. Biol.*, 1959, v. 12, p. 35–38.
- Crick F. H. C.* The origin of the genetic code. — *J. Mol. Biol.*, 1968, v. 38, p. 367–379.
- Crick F. H. C., Barnett L., Brenner S., Watts-Tobin R. J.* General nature of the genetic code for proteins. — *Nature*, 1961, v. 192, p. 1227–1232.
- Doty P., Boedtker H., Fresco J. R. et al.* Secondary structure in ribonucleic acids. — *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.*, 1959, v. 45, p. 482–499.
- Fiers W., Contreras R., Duerinck F. et al.* Complete nucleotide sequence of bacteriophage MS2 RNA: Primary and secondary structure of the replicase gene. — *Nature*, 1976, v. 260, p. 500–507.
- Gamov G., Rich A., Ycas M.* The problem of information transfer from the nucleic acids to proteins. — *Advan. Biol. Med. Phys.*, 1956, v. 4, p. 23–68.
- Gros F., Hiatt H., Gilbert W. et al.* Unstable ribonucleic acid revealed by pulse labeling of *Escherichia coli*. — *Nature*, 1961, v. 190, p. 581–585.

Grunberg-Manago M., Ochoa S. Enzymatic synthesis and breakdown of polynucleotides: Polynucleotide phosphorylase. — *J. Amer. Chem. Soc.*, 1955, v. 77, p. 3165–3166.

Hershey A. D., Chase M. Independent functions of viral protein and nucleic acid in growth of bacteriophage. — *J. Gen. Physiol.*, 1952, v. 36, p. 39–56.

Jacob F., Monod J. Genetic regulatory mechanism in the synthesis of protein. — *J. Mol. Biol.*, 1961, v. 3, p. 318–356.

Nirenberg M. W., Matthaei J. H. The dependence of cell-free protein synthesis in *E. coli* upon naturally occurring or synthetic polyribonucleotides. — *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.*, 1961, v. 47, p. 1588–1602.

Orgel L. E. Evolution of the genetic apparatus. — *J. Mol. Biol.*, 1968, v. 38, p. 381–393.

Shatkin A. J. Capping of eucaryotic mRNAs. — *Cell*, 1976, v. 9, p. 645–653.

Volkin E., Astrachan L. Phosphorus incorporation in *Escherichia coli* ribonucleic acid after infection with bacteriophage T2. — *Virology*, 1956, v. 2, p. 149–161.

Watson J. D., Crick F.H.C. Molecular structure of nucleic acids. — *Nature*, 1953, v. 171, p. 738–740.

Watson J. D., Crick F.H.C. Genetical implications of the structure of deoxyribose nucleic acid. — *Nature*, 1953, v. 171, p. 964–967.

Глава III

ТРАНСПОРТНЫЕ РНК И АМИНОАЦИЛ-тРНК-СИНТЕАЗЫ

1. ОТКРЫТИЕ

Итак, информация для аминокислотной последовательности белков закодирована в виде нуклеотидной последовательности соответствующих матричных РНК. Триплетный кодон матрицы должен однозначно детерминировать определенную аминокислоту. Между тем, явного стерического соответствия структур аминокислот и соответствующих им кодонов не наблюдается, т. е. кодоны вроде бы никак не могут служить прямыми матричными поверхностями для аминокислот. Отсюда в 1955 г. Ф. Крик предложил свою «адапторную гипотезу», где он постулировал существование специальных малых адапторных РНК и специальных ферментов, ковалентно присоединяющих аминокислотные остатки к этим РНК. Согласно гипотезе, каждой аминокислоте соответствует свой вид адапторной РНК и свой фермент, присоединяющий только данную аминокислоту к данному адаптору. С другой стороны, адапторная РНК имеет нуклеотидный триплет (впоследствии названный антикодоном), комплементарный соответствующему кодону матричной РНК. Таким образом, узнавание кодона аминокислотой не является непосредственным, а осуществляется через систему адапторная РНК — фермент: специфический фермент узнает одновременно аминокислоту и определенную адапторную молекулу, так что они оказываются соединенными; в свою очередь, адаптор (с навешенной аминокислотой) узнает определенный кодон матричной РНК, так что присоединенная аминокислота становится приписанной именно данному кодону. В дополнение к решению проблемы узнавания, предложенный механизм предполагал также энергетическое обеспечение полимеризации аминокислот за счет химических связей, образованных между аминокислотными остатками и адапторными молекулами.

Поразительно, что все это вскоре было подтверждено экспериментально. В 1957 г. М. Хогланд, П. Замечник и М. Стефенсон в США и К. Огата и Х. Нохара в Японии сообщили об открытии относительно низкомолекулярной РНК («растворимой РНК») и специальной ферментной фракции («рН 5 фермент»), присоединяющей аминокислоты к этой РНК. Было показано, что образующаяся аминоацил-тРНК действительно является промежуточным соединением в переносе аминокислоты в полипептидную цепь белка. Впоследствии эта РНК была названа трансферной, а в русском переводе «транспортной» РНК, или тРНК, а соответствующие ферменты — аминоацил-тРНК-синтетазами.

В клетке для каждой из 20 аминокислот, которые участвуют в построении белка, существует своя аминоацил-тРНК-синтетаза. Таким образом, в прокариотических клетках существует 20 различных аминоацил-тРНК-синтетаз. Однако в эукариотических клетках ситуация сложнее, и в первую очередь из-за существования специальных аминоацил-тРНК-синтетаз в хлоропластах и митохондриях (в дополнение к основным цитоплазматическим синтетазам).

Что касается различных видов тРНК, то их всегда больше, чем число аминокислот и аминоацил-тРНК-синтетаз. Так, в бактериях (*E. coli*) имеется не менее 40 видов тРНК, кодируемых различными генами. Это значит, что несколько различных тРНК могут узнаваться одной и той же аминоацил-тРНК-синтетазой и, соответственно, соединяться с одной и той же аминокислотой; такие тРНК называются *изоакцепторными*. Разные изоакцепторные тРНК могут узнавать разные кодоны для данной аминокислоты. Например, в *E. coli* имеется пять различных лейциновых тРНК, с антикодонами CAG, GAG, NAG (N — неидентифицированное производное одного из оснований), CAA и A*AA, узнающих шесть лейциновых кодонов; из них тРНК^{Leu}₁ узнает лейциновый кодон CUG (антикодон CAG), а тРНК^{Leu}₅ узнает лейциновые кодоны UUA и UUG (антикодон A*AA, где A* — неидентифицированное производное A). В некоторых случаях изоакцепторные тРНК, различающиеся по первичной структуре, могут узнавать одни и те же кодоны, имея похожие антикодоны. В цитоплазме эукариотических клеток ситуация аналогична.

Эукариотические митохондрии имеют собственный набор тРНК, который значительно проще такового цитоплазмы: здесь существует всего 23—24 вида тРНК, обладающих различными антикодонами, и они оказываются достаточными для узнавания всех 61—62 смысловых кодонов митохондриальных мРНК.

2. СТРУКТУРА тРНК

Первичная структура

В 1965 г. Р. Холли с сотр. сообщили о нуклеотидной последовательности первой молекулы тРНК. Это была аланиновая тРНК дрожжей (рис. 12). С тех пор были расшифрованы многие десятки последовательностей различных тРНК из разнообразных источников. Все они имеют ряд общих черт.

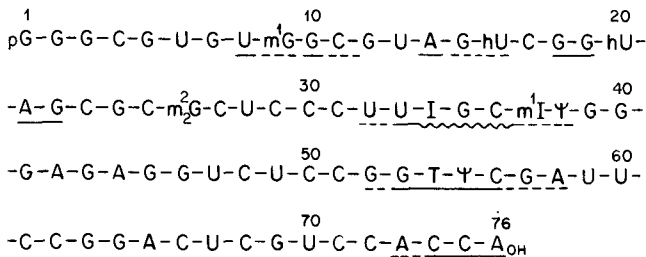


Рис. 12. Нуклеотидная последовательность аланиновой тРНК дрожжей (тРНК^{Ala}) (по R. W. Holley et al. Science, 1965, v. 147, p. 1462-1465; J. R. Penswick et al. FEBS Lett., 1975, v. 50, p. 28-31):

волнистой линией выделен антикодоновый триплет; сплошной — подчеркнуты консервативные (инвариантные) нуклеотидные остатки и последовательности; пунктирной — остатки, в которых консервированы либо пуриновые, либо пиримидиновые основания в других тРНК

Длина цепей тРНК варьирует от 74 до 95 нуклеотидных остатков. Все тРНК кончаются на 3'-конце универсальной тринуклеотидной последовательностью CCA_{OH}; именно концевой инвариантный аденозин акцептирует аминокислотный остаток при образовании аминоацил-тРНК.

Антикодоновый триплет находится приблизительно в середине цепи тРНК (IGC в положении 34–36 на рис. 12). С 5'-стороны от него всегда находятся два пиримидиновых остатка, а с 3'-стороны — часто два пуриновых остатка, хотя второй остаток может быть и пиримидиновым, как в случае тРНК^{Ala} (рис. 12). Эти семь нуклеотидных остатков вместе образуют так называемую «антикодоновую петлю» (АС-петлю), взаимодействующую с мРНК и обладающую характерной пространственной структурой (см. ниже).

Приблизительно на расстоянии 1/3 общей длины цепи тРНК от ее 3'-конца располагается общий для большинства тРНК участок с последовательностью GTΨС или, гораздо реже, GUΨС (Gm¹ΨΨС у археобактерий), фланкируемый с обеих сторон пуриновыми остатками. В инициаторных тРНК_{F^{Met}} эукариотов он заменен на GAΨС или GAUC. Это — наиболее четко выраженная протяженная универсальная последовательность тРНК. (В митохондриальных тРНК, однако, она сильно варьирует.)

Необходимо отметить также довольно консервативные части последовательности в пределах от 8-го до 25-го нуклеотидных остатков цепей тРНК. Здесь имеются также инварианты, такие как U или его тгипроизводное (s^4U) в положении 8, G или его метильное производное (m^2G) в положении 10, AG или AA в положениях 14–15, GG в положениях 17–21, AG в положениях 21–24 различных тРНК.

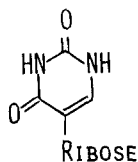
Уже из рассмотрения последовательности одной тРНК (рис. 12) видно, что, в дополнение к четырем главным типам нуклеотидных остатков (A, G, C, U), полинуклеотидная цепь тРНК характеризуется наличием разнообразных модифицированных нуклеозидов, часто называемых «минорными». Они образуются в результате посттранскрипционной

энзиматической модификации обычных нуклеозидных остатков в специфических местах полинуклеотидной цепи тРНК. К настоящему времени идентифицировано несколько десятков различных модифицированных нуклеозидов в тРНК. Риботимидин (5-метилуридин, обозначаемый как Т или m^5U) и псевдоуридин (5-рибофуранозилурацил, Ψ) присутствуют почти во всех тРНК и особенно характерны для универсальной последовательности GT Ψ C (рис. 13). 5,6-дигидроуридин (hU или D) тоже является почти универсальным «минорным» остатком, особенно в районе 15-го — 24-го нуклеотидов цепи. У бактерий в положении 8 типичен 4-тиоуридин (s^4U). Наиболее распространенные «минорные» остатки — различные метилированные производные обычных нуклеозидов, такие как 1-метилгуанозин (m^1G), N²-метилгуанозин (m^2G), N², N²-диметилгуанозин (m^2_2G), 7-метилгуанозин (m^7G), 2'-О-метилгуанозин (G^m), 1-метиладенозин (m^1A), 2-метиладенозин (m^2A), N⁶-метиладенозин (m^6A), 2'-О-метиладенозин (A^m), 3-метилцитидин (m^3C), 5-метилцитидин (m^5C), 2'-О-метилцитидин (C^m) и т. д. (рис. 14).

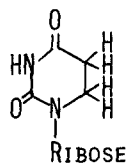
В первом положении антикодона могут быть немодифицированные G и C, но практически не бывает A и U. A в первом положении антикодона обычно дезаминирован, таким образом представляя собой I (рис. 15); I здесь особенно типичен для тРНК эукариот (тРНК^{Ile}, тРНК^{Val}, тРНК^{Ser}, тРНК^{Pro}, тРНК^{Thr}, тРНК^{Ala}, тРНК^{Arg}). Что касается U, то он в первом положении антикодона представлен 5-метоксиуридином (mo^5U) или 5-карбоксиметоксиуридином (уридин-5-оксиуксусная кислота; smo^5U или V) в тРНК^{Ala}, тРНК^{Ser} и тРНК^{Val} бактерий, 5-метиламинометил-2-тиоуридином (mm^5s^2U) в тРНК^{Glu} и тРНК^{Lys} бактерий, 5-(метоксикарбонилметил)-2-тиоуридином (mcm^5s^2U) в тРНК^{Glu} и тРНК^{Lys} грибов или 5-(метоксикарбонилметил)уридином (mcm^5U) в тРНК^{Arg} грибов. Немодифицированный U обнаружен лишь у одной из тРНК^{Gly} некоторых бактерий и у одной из дрожжевых тРНК^{Leu}, но весьма типичен для митохондриальных тРНК как грибов, так и млекопитающих.

Для первого положения антикодона таких тРНК, как тРНК^{Asp}, тРНК^{Asn}, тРНК^{His}, тРНК^{Tyr} бактерий и животных оказался характерным гипермодифицированный G — так называемый кьюзин (Q), который является 7-[[*(цис*-4,5-диокси-2-циклопентен-1-ил) амино]метил]-7-дезагуанозином

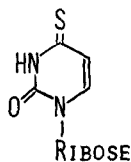
Особым типом модификации («гипермодификацией») часто характеризуется пуриновый нуклеозид антикодоновой петли, примыкающий к антикодону с 3'-стороны. Например, остаток, фланкирующий антикодон с 3'-стороны, представлен N⁶-изопентениладенозином (i^6A) в эукариотических тРНК^{Cys}, тРНК^{Ser} и тРНК^{Tyr} или N⁶-изопентенил-2-метилтиоаденозином (ms^2i^6A) в аналогичных тРНК бактерий, или N⁶-(треонинакарбонил)аденозином, обозначаемым также как N-[N-(9-β-D-рибофуранозил)пуридин-6-ил] карбамоилтреонин (t^6A), в тРНК^{Ile}, тРНК^{Thr}, тРНК^{Lys}, тРНК^{Met} как эукариот, так и бактерий (рис. 16). Еще более



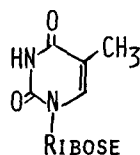
Псевдоуридин (Ψ)



Дигидроуридин (D или hU)

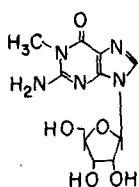


4-Тиоуридин (s^4U)

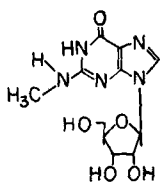


Риботимидин (T)

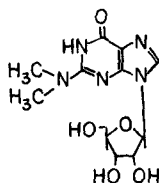
Рис. 13. Модифицированные производные уридина, широко встречающиеся в тРНК



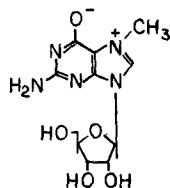
1-Метилгуанозин (m^1G)



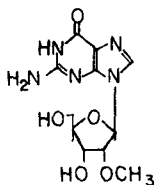
N^2 -Метилгуанозин (m^2G)



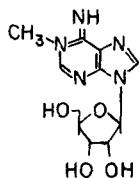
N^2, N^2 -Диметилгуанозин (m^2_2G)



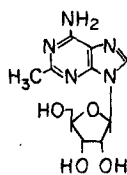
7-Метилгуанозин (m^7G)



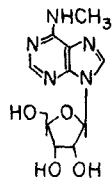
2'-O-Метилгуанозин (Gm)



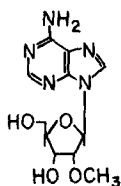
1-Метиладенозин (m^1A)



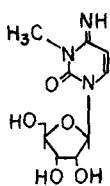
2-Метиладенозин (m^2A)



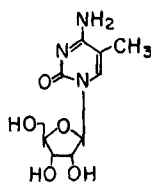
N^6 -Метиладенозин (m^6A)



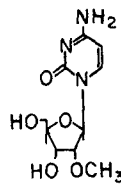
2'-O-Метиладенозин (Am)



3-Метилцитидин (m^3C)



5-Метилцитидин (m^5C)



2'-O-Метилцитидин (Cm)

Рис. 14. Метилированные производные гуанозина, аденозина и цитидина, встречающиеся в тРНК

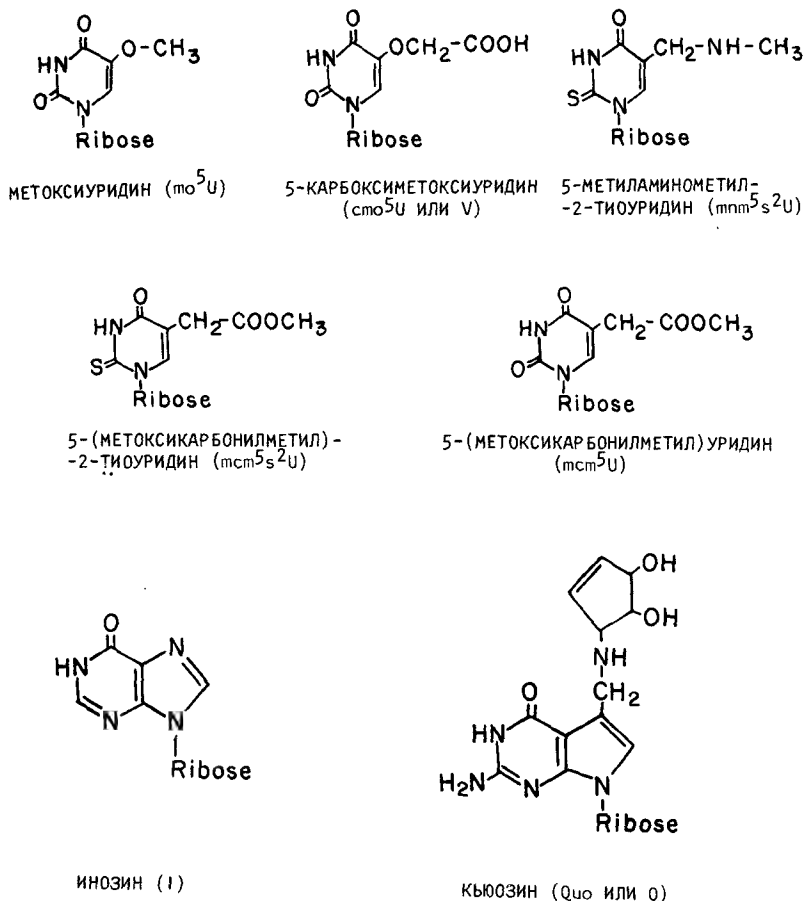


Рис. 15. Модифицированные нуклеозиды, встречающиеся в первом положении антикодона тРНК

«гипермодифицировано» это положение в цепи тРНК^{Phe} всех эукариот: оно представлено так называемым уайбутозином (yW или Y) или его оксипроизводным (oyW).

Вторичная структура

Рассмотрение уже первой расшифрованной первичной структуры тРНК (тРНК^{Ala} дрожжей) открывает ряд интересных черт, касающихся возможного складывания цепи во вторичную структуру. Так, видно (см. рис. 12), что имеется значительная комплементарность 5'-концевого участка (положения 1–7) участку, близкому к 3'-концу цепи (положения 66–72), при их антипараллельном расположении. Кроме того, три внутренние секции цепи тРНК оказываются взаимокомплементарными при складывании их на себя, будучи, таким образом, способными

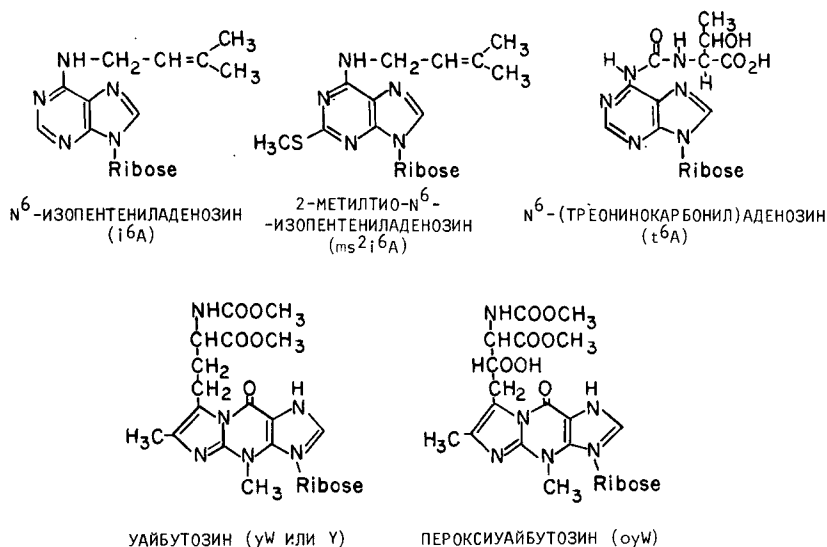


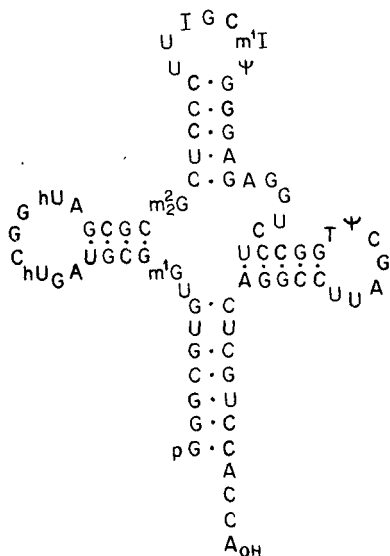
Рис. 16. «Гипер-модифицированные» нуклеозиды, встречающиеся в положении, непосредственно примыкающем к антикодону с 3'-стороны

образовывать шпилькообразные структуры; это участок с 10-го по 25-й остаток, участок с 27-го по 43-й остаток и участок с 49-го по 65-й остаток, где две терминальные четырех- пяти-нуклеотидные последовательности каждого отрезка комплементарны друг другу. Спаривание указанных комплементарных последовательностей дает структуру, схематически изображенную на рис. 17 и получившую название структуры типа клеверного листа. Наиболее замечательным оказалось то, что нуклеотидные последовательности всех тРНК, изученных с тех пор, характеризовались теми же правилами самокомплементарности и, соответственно, могли быть сложены в полностью аналогичные «клеверные листья». Части «клеверного листа» были обозначены как *акцепторный*, или *AA черешок* с универсальной 3'-концевой последовательностью ССА, акцептирующей аминокислотный остаток; *дигидроуридиловая*, или *D шпилька* с соответствующей петлей, несколько варьирующей по длине и содержащей, как правило (но не обязательно), от одного до пяти дигидроуридиловых остатков, *антикодонная*, или *АС шпилька* с антикодонной петлей постоянной длины в семь нуклеотидных остатков и *тимидилпсевдоуридиловая*, или *T шпилька*, несущая петлю с универсальной последовательностью $\text{GT}\Psi\text{C}_A^{\text{G}}\text{A}$. В дополнение, в «клеверном листе» выделяют также *вариабельную* или *V петлю*, располагающуюся между антикодонной и Т-шпильками; в тРНК^{Ala} она мала (5 нуклеотидных остатков), но у других тРНК она может достигать длины 15–20 остатков (тРНК^{Leu}, тРНК^{Ser}, бактериальная тРНК^{Tyr}).

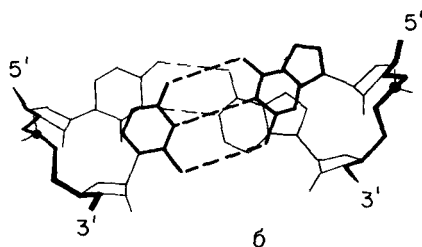
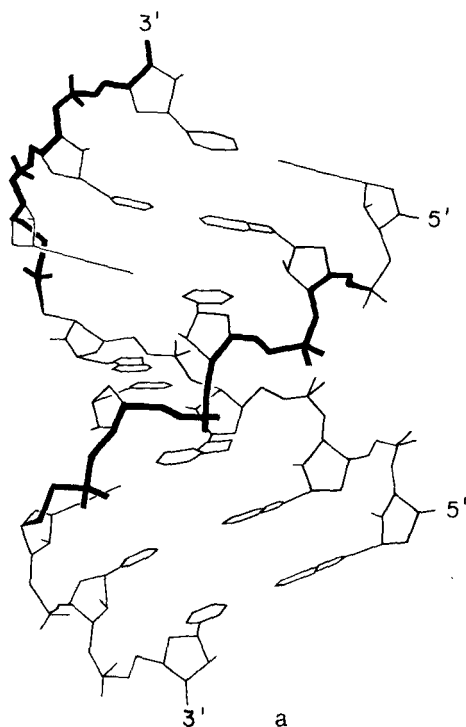
Рис. 17. Схема вторичной структуры аланиновой тРНК дрожжей («клеверный лист») (по R. W. Holley et al. Science 1965, v. 147, p. 1462–1465)

Рис. 18. Фрагмент скелетной модели двойной спирали РНК (А-форма), показывающей только ковалентные связи:

вверху — вид сбоку (приведены семь пар нуклеотидных остатков; участки полинуклеотидного остова, обращенные к зрителю, изображены утолщенными линиями); **внизу** — вид с торца спирали, демонстрирующий стэкинг оснований (для ясности приведены лишь две нуклеотидные пары; пара, обращенная к зрителю, изображена утолщенными линиями; пунктирными линиями показаны водородные связи)



Дрожжевая тРНК^{Ala}



б

В структурном отношении спаренная (двухжелевая) часть каждой шпильки и черешка представляет собой двойную спираль. Двойная спираль РНК характеризуется 11 парами нуклеотидных остатков на виток. Параметры этой спирали близки к таковым А-формы ДНК. Это и есть основной элемент вторичной структуры тРНК (рис. 18). Кроме канонических (Уотсон—Криковских) пар оснований $G \cdot C$ и $A \cdot U$, в двуспиральных участках тРНК нередко реализуется пара $G \cdot U$, наиболее близкая по пространственным параметрам к каноническим парам (рис. 19; см. цветную вкладку).

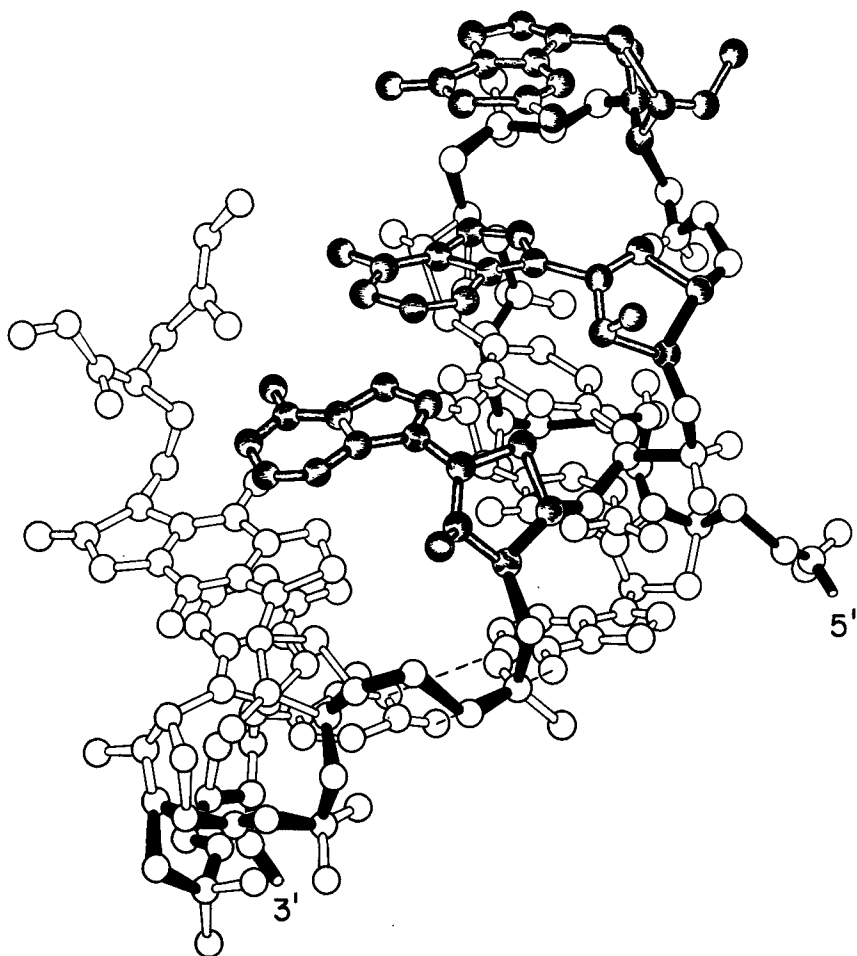


Рис. 20. Антикодонная петля фенилаланиновой тРНК дрожжей: шаростержневая модель (водороды не показаны) ход полинуклеотидного остова показан черным цветом; три нуклеотидных остатка антикодона заштрихованы

Другой характер носит вторичная структура неспаренных участков, таких как петли и акцепторный $\overset{A}{G}$ ССА-конец. Здесь часто имеется односпиральное расположение нескольких остатков, поддерживаемое межплоскостными взаимодействиями («стэкинг») оснований. Структура антикодонной петли представляет особый интерес (рис. 20): три основания антикодона и два последующих основания, примыкающие к нему с 3'-стороны, находятся в едином «стэкинге» друг с другом и образуют однотяжевую правозакрученную спираль со своеобразными параметрами, так что первое основание антикодона помещается на самой

верхушке шпильки, а группы, образующие водородные связи, у всех трех оснований антикодона оказываются экспонированными наружу. Последнее, очевидно, принципиально важно для взаимодействия с кодоном мРНК. Черты первичной структуры антикодоновой петли способствуют поддержанию ее пространственной структуры описанного типа: гипермодифицированное пуриновое основание, непосредственно примыкающее к антикодону с 3'-стороны, а также следующее основание, часто являющееся пурином, должны обеспечивать стабильные межплоскостные взаимодействия в однотяжевой спирали, а два «маленьких» (пиримидиновых) основания с 5'-стороны антикодона, и особенно примыкающий к нему инвариантный U, создают резкий перегиб цепи (между антикодоном и U) и поддерживают конформацию петли, в частности за счет водородной связи между азотом инвариантного U и фосфатной группой 3-го остатка кодона.

Интересно, что похожую односпиральную конформацию с аналогичным «уридиновым поворотом» имеет Т-петля (там роль инвариантного U играет Ψ).

Третичная структура

Впервые трехмерная структура тРНК была расшифрована для дрожжевой тРНК^{Phe} с помощью рентгеноструктурного анализа ее кристаллов одновременно в США группой Александра Рича и в Великобритании группой Аарона Клуга в 1974 г. Многочисленные косвенные данные, а затем и прямая расшифровка трехмерных структур еще нескольких тРНК показали, что основной рисунок складывания цепи тРНК в третичную структуру является универсальным. Схематически это складывание можно представить следующим образом. Акцепторный черешок и Т-шпилька располагаются вдоль одной оси, формируя как бы непрерывную двойную спираль из 12 пар нуклеотидов; антикодоновая шпилька и дигидроуридиловая шпилька тоже располагаются вдоль одной оси и формируют другую двойную спираль, включающую 9 пар нуклеотидов; эти две спирали ориентируются друг по отношению к другу приблизительно под прямым углом так, что дигидроуридиловая петля оказывается сближенной с Т-петлей и скрепленной взаимодействием GG-инварианта с Ψ C-инвариантом (рис. 21). Получается что-то вроде буквы L, где вершины двух ее ветвей представляют собой антикодон и акцепторный 3'-конец. На дигидроуридиловую спираль у внутреннего угла L-образной молекулы накладывается еще короткая однотяжевая перемычка между акцепторным черешком и дигидроуридиловой спиралью (остатки 8—9), часть дигидроуридиловой петли и дополнительная вариабельная петля, в результате чего образуется так называемое «ядро» молекулы с большим количеством третичных взаимодействий. Это ядро можно видеть как сгущение и переплетение отрезков цепи в районе угла, особенно с его внутренней стороны, на схематическом рисунке модели дрожжевой тРНК^{Phe} (рис. 22).

Длина каждой ветви L-образной молекулы тРНК около 7 нм, а толщина молекулы около 2 нм. Расстояние между антикодоном и акцептор-

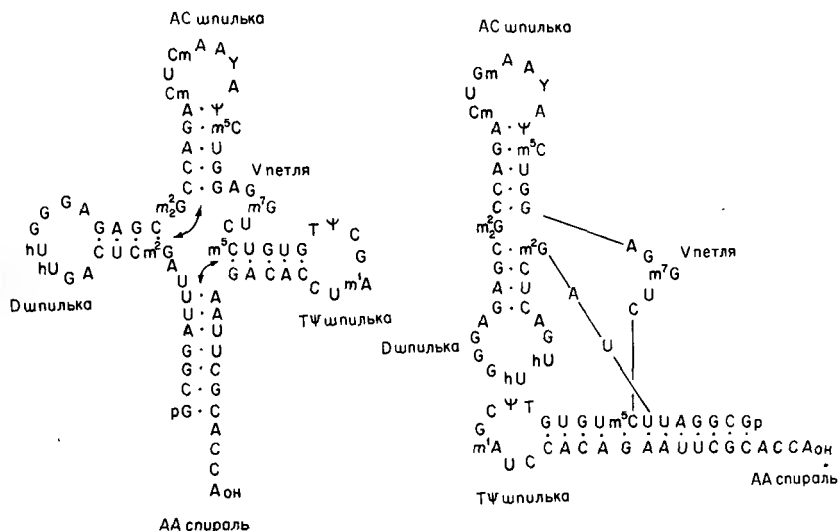


Рис. 21. Схема складывания спиральных участков тРНК (дрожжевая тРНК^{Phe}) в третичную структуру (по S. H. Kim et al. Science, 1974, v. 185, p. 435–440)

ным концом составляет 7,6–7,8 нм. Все три основания антикодона на вершине одной из ветвей обращены на внутреннюю сторону угла L-образной молекулы.

В создании и поддержании третичной структуры тРНК реализуется много неканонических (не Уотсон — Криковских) взаимодействий между основаниями цепи. Прежде всего, угол L-образной молекулы тРНК крепится как межплоскостными взаимодействиями, так и взаимодействиями через водородные связи между дигидроуридиловой петлей и Т-петлей. Взаимодействие между инвариантами G19 и C56 — Уотсон — Криковского типа (см. рис. 19, б), но взаимодействие между инвариантами G18 и Ψ⁵⁵ очень своеобразно и включает водородные связи атома О при C4 пиримидинового кольца Ψ как с N1, так и с N при C2 пуринового кольца G (рис. 23, а; см. цветную вклейку). Кроме того, имеется необычное сильное межплоскостное взаимодействие между тремя гуанозиновыми остатками в том же углу: G57 оказывается вставленным (интеркалированным) между G18 и G19. Более того, G57 через N при C2 взаимодействует водородными связями с рибозами G18 и G19, а через N7 — водородной связью с рибозой Ψ⁵⁵.

Еще более сложные третичные взаимодействия возникают в «ядре». Как уже отмечалось, здесь переплетаются четыре разных участка полинуклеотидной цепи. Характерна неканоническая пурин-пуриновая пара G · A (или A · G, в зависимости от вида тРНК) между остатками 26 и 44 (рис. 23, б). Спаривание G · C (или, в других тРНК, A · U) между остатками 15 и 48 необычно для двойных спиралей с антипараллельным расположением цепей; здесь направление цепей параллельное (рис. 23, в). Еще более необычным является спаривание A с U между остатками 14 и 8, где в образовании водородной связи участвует N7 пуринового

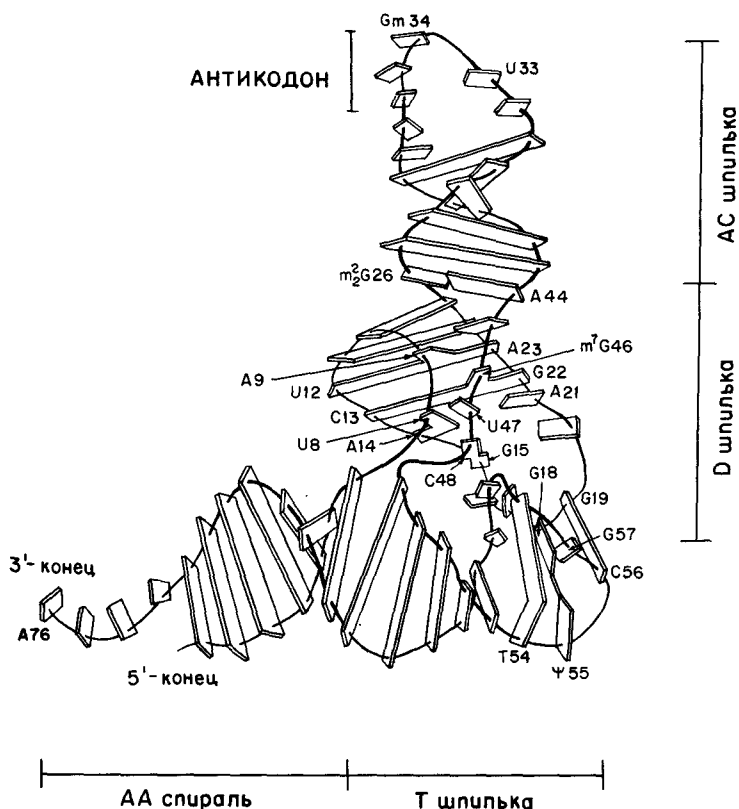


Рис. 22. Схема третичной структуры тРНК (дрожжевая тРНК^{Phe})
(по А. Rich, S. H. Kim, *Scientific American*, 1978, v. 238, p. 52–62)

кольца (рис. 23, г). Для этой части молекулы характерны также тройные водородные взаимодействия оснований, такие как $U \cdot A \cdot A$ (или, в других тРНК, эквивалентные им $G \cdot C \cdot G$ или $U \cdot A \cdot G$) между остатками 12, 23 и 9, соответственно (рис. 24, верх; см. цветную вклейку) и $C \cdot G \cdot G$ (или эквивалентный $U \cdot A \cdot A$) между остатками 13, 22 и 46, соответственно (рис. 24, низ). Стереорепрезентация масштабной атомной модели тРНК дано на рис. 25 (см. цветную вклейку).

3. АМИНОАЦИЛ-тРНК-СИНТЕАЗЫ

Несмотря на универсальность основных черт пространственной структуры тРНК, аминоацил-тРНК-синтетазы оказались довольно различными белками в зависимости от их аминокислотной специфичности. В основном это крупные белки с молекулярной массой приблизительно от 100000 до 400000 дальтон, обладающие четвертичной структурой, хотя среди них имеются и мономерные ферменты. Четвертичные структуры синтетаз построены из двух или четырех белковых субъединиц, которые

могут быть или идентичны, или различны. Например, тирозил-тРНК-синтетаза бактерий построена из двух идентичных субъединиц с молекулярной массой 47000 дальтон каждая, а метиониновая синтетаза бактерий состоит из двух идентичных субъединиц с молекулярной массой около 80000—90000 дальтон каждая (тип α_2). Фенилаланиновая аминокислот-тРНК-синтетаза бактерий, так же как и дрожжей, построена из четырех субъединиц двух видов, с молекулярными массами около 50000 и 60000 дальтон (тип $\alpha_2 \beta_2$). Такие аминокислот-тРНК-синтетазы бактерий, как валиновая, лейциновая и изолейциновая, являются мономерными ферментами (тип α_1), т. е. представляют собой одну полипептидную цепь с молекулярной массой около 110000 дальтон. В последнем случае, однако, полипептидная цепь состоит, по-видимому, из двух гомологичных частей, формирующих два похожих домена с массой около 50000—60000 дальтон каждый. В то же время цистеиновая и глутаминовая аминокислот-тРНК-синтетазы бактерий построены из одной полипептидной цепи (тоже тип α_1) с молекулярной массой 40000—60000 дальтон и, скорее всего, не имеют подразделения на два гомологичных участка. Мономером является и аргинил-тРНК-синтетаза, имеющая молекулярную массу около 70000 дальтон.

Как правило, синтетазы одной и той же аминокислотной специфичности, выделенные из разных источников, имеют похожую четвертичную структуру и близкие размеры полипептидных цепей. Однако синтетазы эукариотических клеток, по сравнению с прокариотическими, характеризуются несколько большим размером субъединиц.

Несмотря на отмеченное разнообразие, для большинства аминокислот-тРНК-синтетаз можно предложить обобщенную схему их субъединичной или доменной структуры. Во всяком случае, если не всегда, то часто синтетазы с молекулярной массой около 100000 состоят либо из двух субъединиц, либо из двух похожих доменов. Синтетазы с большими молекулярными массами (около 200000) являются как бы «удвоенными» ферментами вышеуказанного типа. Таким образом, если основной блок (домен или субъединица) фермента имеет молекулярную массу от 35000 до 60000, то многие аминокислот-тРНК-синтетазы оказываются построенными по схеме: $(35000-60000)_2 \times 1$ или 2. Однако основной блок может быть в некоторых случаях значительно крупнее; например, аланиновая синтетаза бактерий построена из четырех или двух идентичных субъединиц с молекулярной массой 100000 дальтон каждая, причем в ее аминокислотной последовательности не наблюдается повторов. С другой стороны, уже приводился пример цистеиновой аминокислот-тРНК-синтетазы, которая, по-видимому, не является ферментом вышеуказанного двухсубъединичного или двухдоменного типа. Аргинил-тРНК-синтетаза тоже не обнаруживает черт двухдоменной организации.

Как бы то ни было, согласно функциональным тестам, большинство аминокислот-тРНК-синтетаз (но не аргининовая!) обладают двойным набором субстратсвязывающих мест, т. е. они димеры также и в функциональном смысле. Активные центры, однако, не полностью независимы, а оказывают заметное влияние друг на друга в полном димерном (или двухдоменном) ферменте, проявляя известную кооперативность.

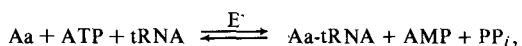
Необходимо отметить ряд особенностей эукариотических, и в пер-

вую очередь животных, аминоксил-тРНК-синтетаз. Как и многие другие белки белоксинтезирующего аппарата эукариотической клетки (см., например, EF-1 в разделе В. II.2), эукариотические синтетазы, и особенно таковые клеток млекопитающих, организованы в крупные многоферментные комплексы, или агрегаты. В клеточных экстрактах они чаще всего обнаруживаются как компоненты с коэффициентами седиментации от 12S до 30S и молекулярными массами от $3 \cdot 10^5$ до 10^6 и более дальтон. Одна и та же синтетаза может содержаться в комплексе различной величины — например, лизил-тРНК-синтетаза печени крысы обнаруживается в компонентах 24S, 18S и 12S. Комплексы могут быть выделены и очищены. Так, из ряда клеток млекопитающих выделяется комплекс с молекулярной массой около 10^6 дальтон, содержащий семь аминоксил-тРНК-синтетаз, специфичных для лизина, аргинина, глутамина, глутаминовой кислоты, лейцина, изолейцина и метионина. Однако существование в виде комплекса не обязательно для их активности: с одной стороны, они могут существовать в клетках и в индивидуальном виде, а с другой, в составе комплекса они работают независимо друг от друга. Помимо синтетаз, в составе комплексов могут быть другие белки, обслуживающие белоксинтезирующий аппарат клетки.

Другая особенность эукариотических аминоксил-тРНК-синтетаз состоит в том, что значительная их доля оказывается ассоциированной непосредственно с белоксинтезирующими частицами клетки (полирибосомами). Ассоциация довольно лабильна и обратима, но, тем не менее, в каждый данный момент большая часть аминоксил-тРНК-синтетаз клетки, по-видимому, сконцентрирована при функционирующих рибосомах. Эта особенность эукариотических систем обусловлена, скорее всего, молекулярными свойствами ферментов. Действительно, было показано, что в отличие от прокариотических аминоксил-тРНК-синтетаз, их эукариотические аналоги имеют довольно сильное неспецифическое сродство к высокомолекулярным РНК, включая мРНК и рибосомные РНК. Именно это сродство (РНК-связывающая способность) эукариотических синтетаз может обеспечивать их частичную компартментализацию на белоксинтезирующих частицах.

4. АМИНОАЦИЛИРОВАНИЕ тРНК

Присоединение аминокислоты к 3'-концу тРНК, катализируемое аминоксил-тРНК-синтетазой, сопряжено с расщеплением АТФ. Суммарная реакция процесса может быть записана как



где Aa — аминокислота; Aa-tRNA — аминоксил-тРНК; PP_i — неорганический пироген. Оказалось, что фермент катализирует две различные реакции, являющиеся двумя последовательными стадиями вышеописанного процесса.

Реакция первой стадии, катализируемая аминоксил-тРНК-синтетазой — это так называемая реакция активации аминокислоты, где карбоксильная группа аминокислоты атакует связь между α - и β -фосфатными

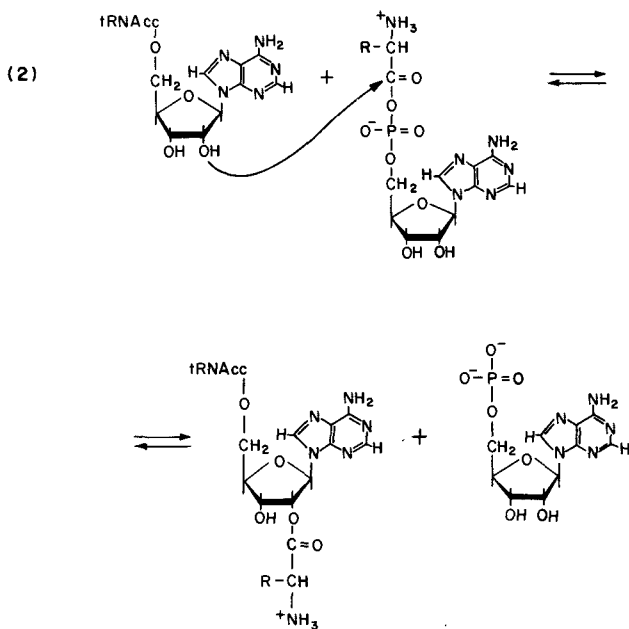
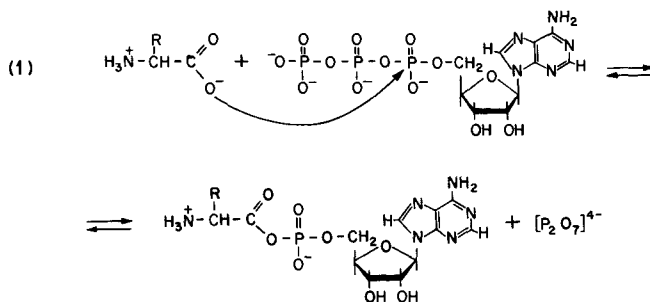
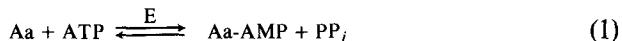


Рис. 26. Реакции активации аминокислоты (1) и акцептирования аминокислотного остатка молекулой тРНК (2), катализируемые аминокил-тРНК-синтетазой

остатками АТФ, в результате чего образуется смешанный ангидрид аминокциладенилат и неорганический пирофосфат (рис. 26, 1):



Эта реакция обратима и легко прослеживается с помощью теста пирофосфатного обмена: если в реакционную смесь добавить $[\text{^{32}P}]$ пирофосфат, то в ней скоро обнаруживается $[\text{^{32}P}]$ АТФ. Образовавшийся в реакции (1) аминокциладенилат остается связанным с ферментом и не освобождается в раствор.

Указанная реакция, а следовательно, и суммарная реакция оказывается сильно сдвинутой вправо, в сторону синтеза аминокциладенилата и аминокцил-тРНК, благодаря протеканию реакции гидролиза неорганического пирофосфата, катализируемой пирофосфатазой. Таким образом, тот факт, что в результате реакции активации аминокислоты освобождается пирофосфат, далее гидролизуемый до неорганического ортофосфата, играет важную роль в энергетическом обеспечении направленности всего процесса.

Реакция второй стадии, катализируемая тем же ферментом, — собственно реакция *акцептирования аминокислоты*, где 2'- или 3'-гидроксил рибозы 3'-концевого аденозина тРНК атакует ангидридную группировку аминокциладенилата с образованием сложноэфирной связи между аминокцильным остатком и рибозой тРНК и с сопутствующим освобождением АМФ (рис. 26,2):



Случай аргинил-тРНК-синтетазы представляет собой, по-видимому, исключение: здесь не удастся обнаружить стадии образования аминокциладенилата как промежуточного продукта.

Интересно, что разные аминокцил-тРНК-синтетазы обладают разной специфичностью в отношении гидроксила рибозы, участвующего в реакции трансацилирования. Например, фенилаланил-, лейцил-, изолейцил-, валил-, метионил-, аргинил-тРНК-синтетазы присоединяют аминокислоту к 2'-гидроксилу, в то время как серил-, глицил-, треонил-, гистидил-, пролил-тРНК-синтетазы — к 3'-гидроксилу. Тирозиновая и цистеиновая аминокцил-тРНК-синтетазы катализируют реакцию как с 2'-, так и с 3'-гидроксильными. Для дальнейшего участия образовавшейся аминокцил-тРНК в трансляции это не имеет принципиального значения, так как в водном растворе наблюдается легкая спонтанная миграция (через образование 2',3'-цикла) аминокцильного остатка между 2'- и 3'-гидроксилами, с установлением равновесия между обеими формами (рис. 27).

Таким образом, из вышеприведенного описания реакций, приводящих к аминокцилированию тРНК, следует, что фермент аминокцил-тРНК-синтетаза использует три субстрата различной химической природы: АТФ, аминокислоту и тРНК. Соответственно, он должен иметь три различных субстратсвязывающих места. АТФ является универсальным субстратом всех аминокцил-тРНК-синтетаз, в то время

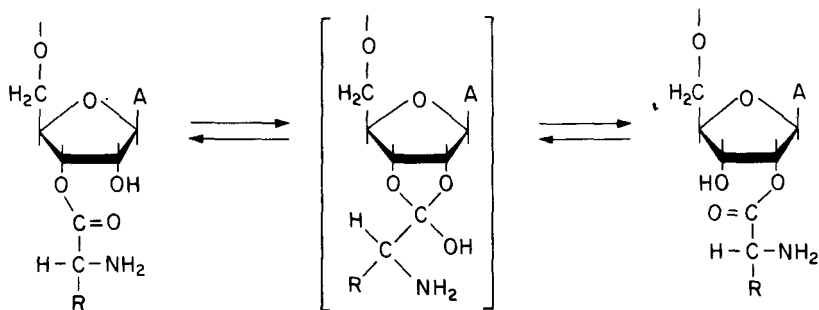


Рис. 27. Спонтанная миграция аминоацильного остатка между 2'- и 3'- положениями рибозы конечного аденозина тРНК через образование короткоживущего промежуточного соединения.

как по отношению к аминокислоте и к тРНК каждая аминоацил-тРНК-синтетаза проявляет высокую специфичность.

Уже отмечалось, что во многих случаях аминоацил-тРНК-синтазы являются димерами или псевдодимерами и, соответственно, несут два набора субстратсвязывающих мест. Субстратсвязывающие места как в пределах каждой субъединицы (или эквивалентного ей домена), так и на разных субъединицах (или доменах) оказываются взаимозависимыми. Прежде всего, часто наблюдается синергизм в связывании различных субстратов: связывание одного субстрата облегчает связывание другого. С другой стороны, в связывании двух молекул тРНК отмечается отрицательная кооперативность, т. е. связывание одной молекулы тРНК делает менее прочным связывание другой молекулы тРНК.

Рассмотрим примерную схему последовательности присоединения субстратов к димерному ферменту, изображенную на рис. 28. Если начать со свободного от субстратов фермента (верхняя часть рисунка), то первыми стадиями часто является связывание малых субстратов — АТФ и аминокислоты, — причем связывание одного стимулирует связывание другого (синергизм). Между связанными субстратами на ферменте происходит реакция образования аминоациладенилата с освобождением пирогосфата в раствор. Связывание малых субстратов и образование аминоациладенилата в свою очередь стимулируют связывание тРНК, в результате чего происходит реакция аминоацилирования тРНК на ферменте и освобождение АМФ в раствор. Аминоацил-тРНК, пока она одна на фермент, диссоциирует от фермента довольно медленно, и здесь стимулирующую роль в ее диссоциации играет связывание второй молекулы тРНК. Получается цикл, изображенный на нижней части рис. 28, где в работающем ферменте один из центров связывания тРНК перманентно занят и, следовательно, фермент проявляет реактивность лишь половины своих субстратсвязывающих мест.

В естественных условиях, когда фермент циклически работает в избытке субстратов, имеет место, по-видимому, тот цикл, который изображен на нижней части рис. 28. Начнем с состояния 1, когда ак-

тивный центр одной субъединицы (или домена) занят аминоксил-тРНК, а другой пуст. Следовательно, лишь субстратсвязывающие места другого активного центра фермента способны связывать лиганды. Последовательное или независимое связывание малых субстратов — АТФ и аминокислоты (состояния 2 и 3) — приводит к образованию фермент-связанного аминоксиладенната (состояние 4), что стимулирует посадку тРНК на второй активный центр фермента (состояние 5). Ввиду отмеченной выше отрицательной кооперативности, связывание тРНК со вторым активным центром ослабляет удержание аминоксил-тРНК в первом активном центре, так что последняя диссоциирует в раствор, оставляя фермент опять с одним занятым и другим вакантным активным центром (состояние 6). Таким образом, поочередно работает то один, то другой активный центр димерного (или двухдоменного) фермента. Конечный продукт — аминоксил-тРНК — не освобождается в раствор по завершении реакций ее синтеза, а «ждет», пока вторая субстратная тРНК не поступит во второй активный центр.

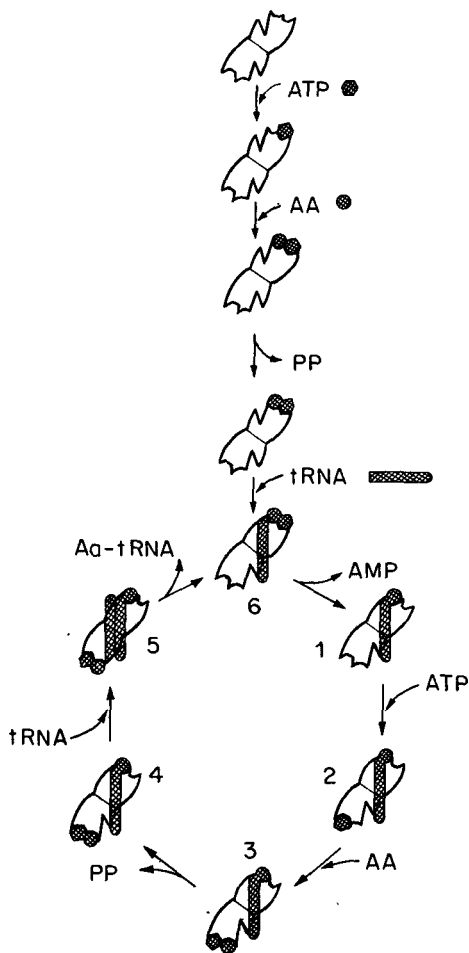


Рис. 28. Примерная схема последовательности событий при функционировании двухдоменной (или димерной) аминоксил-тРНК-синтетазы (по Э. Г. Малыгину и Л. Л. Киселеву. Биоорганическая химия, 1982, т. 8, с. 725—746)

5. СПЕЦИФИЧНОСТЬ АМИНОАЦИЛИРОВАНИЯ тРНК

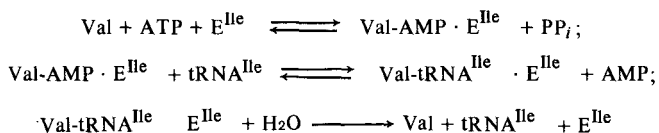
Специфичность по отношению к аминокислоте

Очевидно, что для обеспечения однозначности, с которой мРНК кодирует белки в процессе трансляции, аминоксил-тРНК-синтетазы должны обладать исключительно высокой специфичностью в выборе как аминокислоты, так и тРНК в качестве субстратов. В случае выбора аминокислоты ферменту приходится дискриминировать между субстратами, иногда очень близкими по структуре — например,

между изолейцином и валином. Уровень ошибок, которые допускает фермент в аминоацилировании тРНК, действительно, очень низок, и даже в случае близких аминокислот (изолейцин — валин) он, по-видимому, не превышает 1 на 10000.

Однако при изучении стадий связывания аминокислоты и последующего обратимого образования аминоациладенилата, регистрируемого по АТФ-пирофосфатному обмену, оказалось, что фермент не может обеспечить столь высокой специфичности в дискриминации близких аминокислот на этих стадиях. Так, изолейциновая аминоацил-тРНК-синтетаза может довольно эффективно связывать валин и образовывать валиладенилат. Точно так же валиновая аминоацил-тРНК-синтетаза может связывать и активировать изолейцин, а также аланин, серин, цистеин и треонин. Фенилаланиновый фермент активировывает метионин, лейцин и тирозин. Тем не менее, ни одна из перечисленных ложноактивированных аминокислот не становится акцептированной на тРНК.

Оказалось, что в дополнение к дискриминации аминокислот на стадии связывания фермент может обладать специальным механизмом коррекции ошибок, вступающим в действие после образования аминоациладенилата. Основной факт состоит в том, что связывание ферментом своей тРНК приводит к гидролитическому освобождению свободной аминокислоты, если она была чужой для фермента. По-видимому, в большинстве случаев ложноактивированная аминокислота, связанная с ферментом в виде аминоациладенилата, далее нормально переносится на тРНК, но, в отличие от сложноэфирной связи между своей аминокислотой и тРНК, связь между чужой аминокислотой и тРНК гидролизуетсся ферментом:



Это значит, что здесь фермент получает второй шанс дискриминировать аминоацильные остатки, теперь уже в виде их сложноэфирных производных, и в случае чужого остатка активирует молекулу воды, которая атакует сложноэфирную связь. Показано, что в активации такого гидролиза валил-тРНК^{Ile} изолейцил-тРНК-синтетазой существенную роль играет свободный 3'-гидроксил рибозы тРНК.

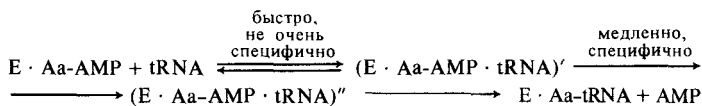
Возможно, что в некоторых случаях не исключен и другой механизм коррекции, где чужой аминоациладенилат гидролизуетсся ферментом до переноса аминоацильного остатка на тРНК.

Специфичность по отношению к тРНК

Уже отмечалось, что связывание тРНК с аминоацил-тРНК-синтетазой является многоступенчатым процессом. Первоначальное связывание не очень специфично, так что фермент может взаимодействовать с рядом чужих для него тРНК. Так, изолейциновая аминоацил-

тРНК-синтетаза может связывать тРНК^{Val}, причем это связывание всего в 5 раз слабее связывания своей тРНК^{Ile}; связывание тРНК^{Glu} тоже имеет место, хотя оно уже в 10000 раз слабее связывания своей тРНК^{Ile}. В целом, для разных комбинаций аминоацил-тРНК-синтетаз с чужими тРНК обнаруживается самое разное сродство, от почти полного отсутствия до сравнимого со сродством к своей тРНК. Сродство ферментов к тРНК, как правило, возрастает с уменьшением рН и солевой концентрации, а также под действием органических растворителей, что указывает на значительную роль ионных взаимодействий в связывании. Соответственно, уменьшение рН, уменьшение ионной силы и введение органических растворителей в среду способствуют неспецифическому связыванию тРНК аминоацил-тРНК-синтетазами. Однако Mg^{2+} часто оказывает противоположное действие, понижая связывание чужих тРНК с аминоацил-тРНК-синтетазой, т.е. повышая специфичность связывания. Последнее обычно приписывают эффекту Mg^{2+} на конформации как фермента, так и тРНК.

Стадия первоначального связывания тРНК с ферментом быстра, т.е. скорости как прямой, так и обратной реакции (ассоциации и диссоциации) высоки. За этой быстрой стадией первоначальной рекомбинации может следовать медленная стадия какой-то перестройки комплекса. Такая перестройка происходит только в том случае, если связанная тРНК оказывается своей. Это и есть стадия узнавания, на которой происходит основная дискриминация своих и чужих тРНК. Таким образом, на первой стадии связывания происходит только самый грубый, приблизительный отбор тРНК, и в основном ее функцией является быстрый перебор (сканирование) разных тРНК. Если связанная тРНК оказывается чужой, она не активна в индуцировании структурной перестройки ферментного комплекса, а следовательно, не может войти в следующую стадию и потому диссоциирует за счет быстрой обратимости первоначального комплекса. Только если связанная тРНК своя, то инициируется следующая фаза связывания, на которой происходит перестройка комплекса и подгонка тРНК для осуществления последующей реакции аминокислотирования:



Возможно, однако, что этот механизм не универсален для всех аминоацил-тРНК-синтетаз. Например, тирозиновая аминоацил-тРНК-синтетаза *E. coli* и сериновый фермент дрожжей, а также аргинил-тРНК-синтетаза проявляют очень высокую специфичность уже на стадии первоначального комплекса, практически не связывая чужих тРНК.

Как бы то ни было, в конечном счете достигается очень высокая специфичность выбора тРНК ферментом для реакции аминокислотирования

рования. Фермент так или иначе должен узнать свою тРНК. Очевидно, что какие-то определенные участки молекулы тРНК служат для этого опознавания. Имеющиеся данные указывают, что такие участки могут находиться в нескольких, часто удаленных друг от друга, районах пространственной структуры тРНК. По-видимому, различные аминоацил-тРНК-синтетазы используют разные районы тРНК для узнавания. Так, метиониновая аминоацил-тРНК-синтетаза использует для связывания и узнавания тРНК^{Met}_F как ее антикодон, так и акцепторный черешок, а также дополнительную вариабельную петлю в районе «ядра» молекулы. Вероятно, что именно одновременное узнавание всех трех участков тРНК необходимо для ее точного опознавания и конечной подгонки к ферменту. В других системах аминоацил-тРНК-синтетаза/тРНК в качестве узнаваемых районов тРНК также часто выявляются акцепторный черешок и антикодоновая шпилька и иногда, кроме того, дигидроуридиловая спираль и дополнительная вариабельная петля. Общим для всех аминоацил-тРНК-синтетаз является то, что узнаваемые ферментами районы тяготеют к внутренней стороне угла L-образной тРНК. Вероятнее всего, именно внутренняя сторона угла L-образной тРНК и примыкающие к ней участки обеих плоских сторон молекулы взаимодействуют с поверхностями фермента.

Рекомендуемая литература

- Молекулы и клетки*: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1968. С. 77–91.
- Нуклеиновые кислоты*/Под ред. Э. Чаргаффа и Дж. Дэвидсона: Пер. с англ./Под ред. А. Н. Белозерского. М.: ИЛ, 1962. С. 291–337.
- Венкстери Т. В. Первичная структура транспортных рибонуклеиновых кислот. М.: Наука, 1970.
- Киселев Л. Л., Фаворова О. О., Лаврик О. И. Биосинтез белков от аминокислот до аминоацил-тРНК. М.: Наука, 1984.
- Шапвиль Ф., Энни А.-Л. Биосинтез белка: Пер. с франц./Под ред. Л. Л. Киселева. М.: Мир, 1977.
- Altman S., ed. Transfer RNA. Cambridge (Mass.): MIT Press, 1978.
- Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1976, v. 17, p. 182–216; 1977, v. 20, p. 1–19; 1979, v. 22, p. 1–69; 1979, v. 23, p. 227–290.
- Davidson J. N., Cohn W. E., eds. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1972, v. 12, p. 49–85; 87–128.
- Schimmel P., Söll D., Abelson J., eds. Transfer RNA: Structure, Properties, Recognition. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1979.
- Slonimski P., Borst P., Attardi G., eds. Mitochondrial Genes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1982.
- Söll D., Abelson J., Schimmel P., eds. Transfer RNA: Biological Aspects. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1980.
- Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 7–79.
- Alzhanova A. T., Fedorov A. N., Ovchinnikov L. P., Spirin A. S. Eukaryotic aminoacyl-tRNA synthetases are RNA-binding proteins whereas prokaryotic ones are not. FEBS Lett., 1980, v. 120, p. 225–229.
- Dang C. V., Johnson D. L., Yang D. C. H. High molecular mass amino acyl-tRNA synthetase complexes in eukaryotes. FEBS Lett., 1982, v. 142, p. 1–6.
- Fersht A. R. Editing mechanisms in protein synthesis. Rejection of valine by the isoleucyl-tRNA synthetase. — Biochemistry, 1977, v. 16, p. 1025–1030.

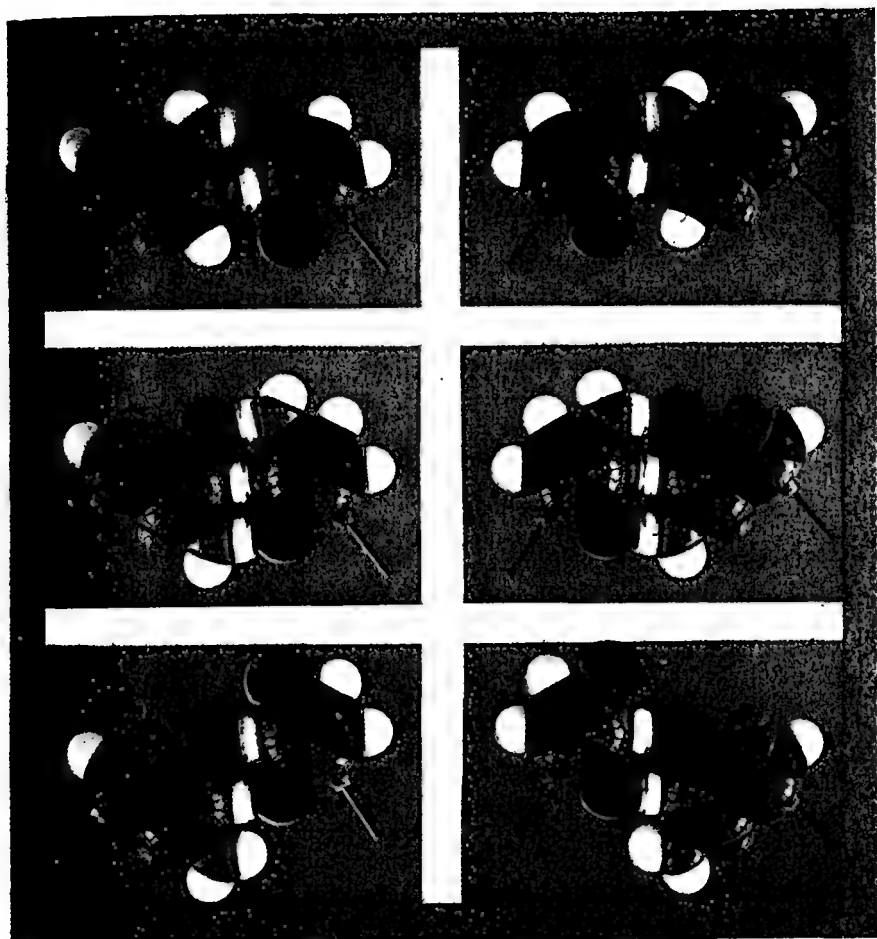


Рис. 19. Масштабные атомные модели пар оснований, реализуемых в двойных спиралах РНК:
 сверху вниз — А · U и U · А, G · C и C · G, G · U и U · G; цветовые обозначения:
 черный — углерод; синий — азот; красный — кислород; белый — водород; N-гликозидные
 связи оснований с рибозой даны в виде прямых отрезков проволоки

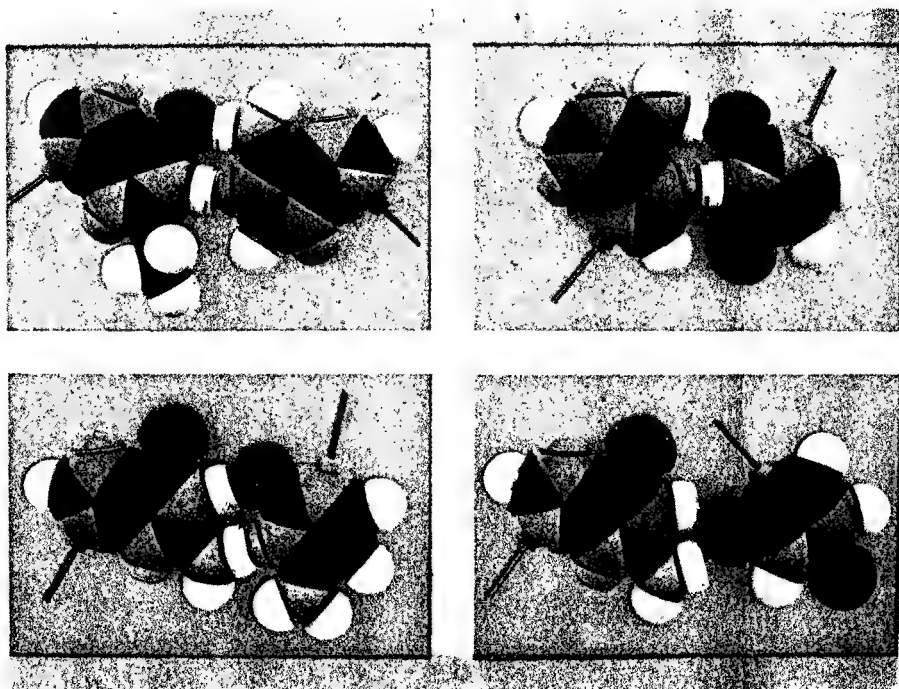


Рис. 23. Масштабные атомные модели необычных пар оснований, реализуемых в третичной структуре тРНК (дрожжевая тРНК^{Phe}):
 наверху слева — $m^3G26 \cdot A44$; наверху справа — $A14 \cdot U8$; внизу слева — $G15 \cdot C48$; внизу справа — $G18 \cdot \psi 55$; цветовые обозначения как на рис. 19.

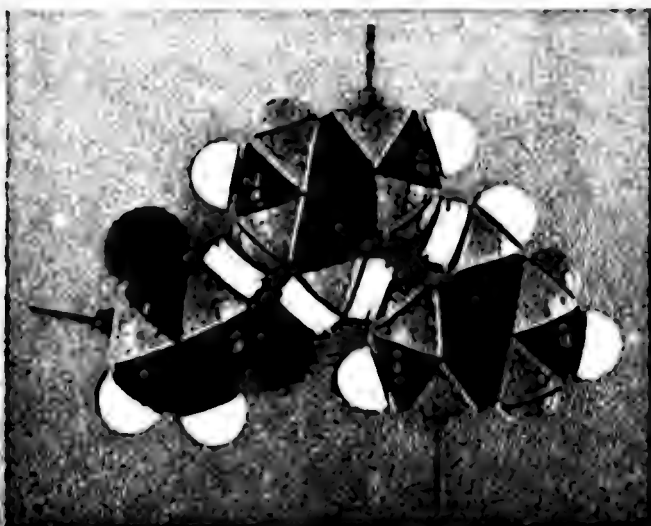
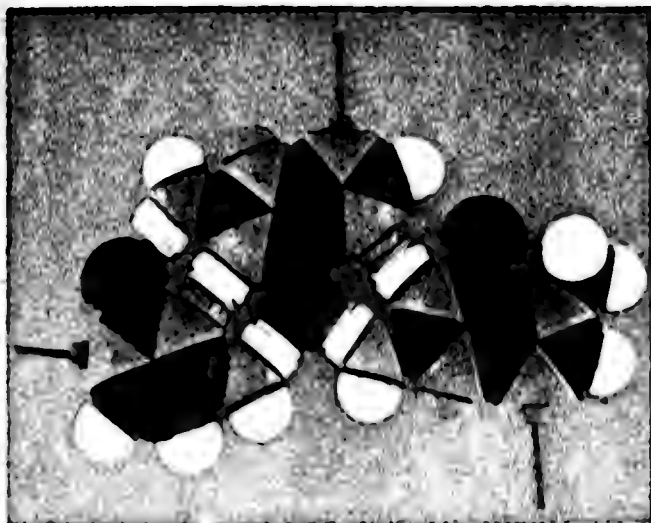


Рис. 24. Масштабные атомные модели троек оснований, связанных водородными связями, типичных для третичной структуры тРНК:
 вверх — C13 · G22 · m⁷G46; вниз — U12 · A23 · A9; цветовые обозначения как на рис. 19.

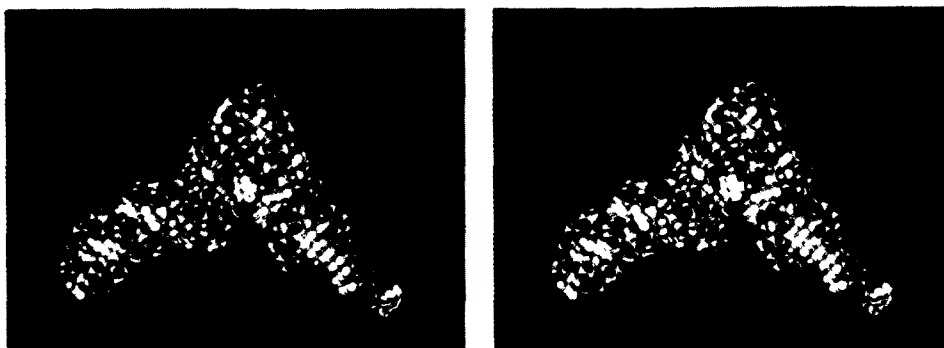


Рис. 25. Стереизображение масштабной атомной модели молекулы дрожжевой фенилаланиновой тРНК (взято из Атласа макромолекулярных структур, составитель — Р. Фелдманн, Национальный Институт здоровья, Бетесда, США): антикодонный участок расположен в левой периферийной части молекулы; ССА-конец — в правой

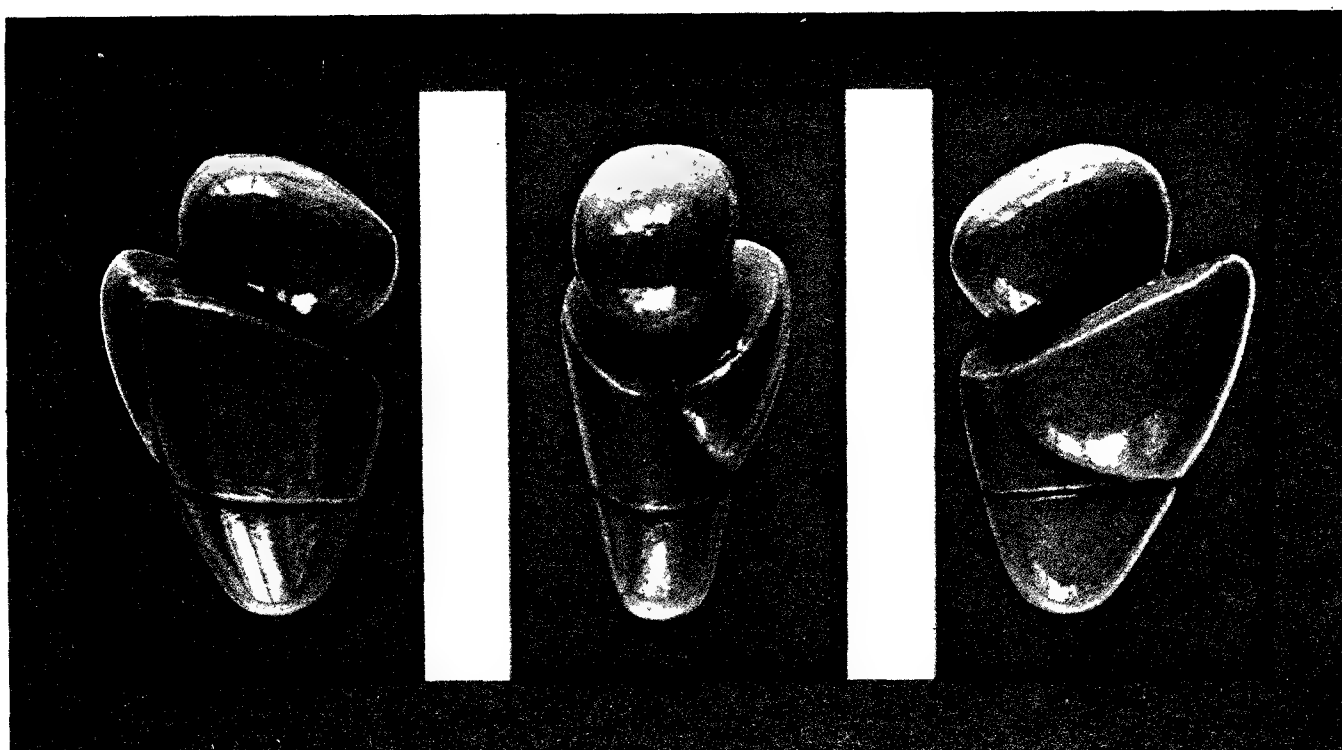


Рис. 35. Фотография модели рибосомной 30S субчастицы: три различные проекции (по В. Д. Васильеву. Докл. АН СССР, 1974, т. 219, с. 994–995; Acta Biol. Med. Germ, 1974. v. 33, p. 779–793)

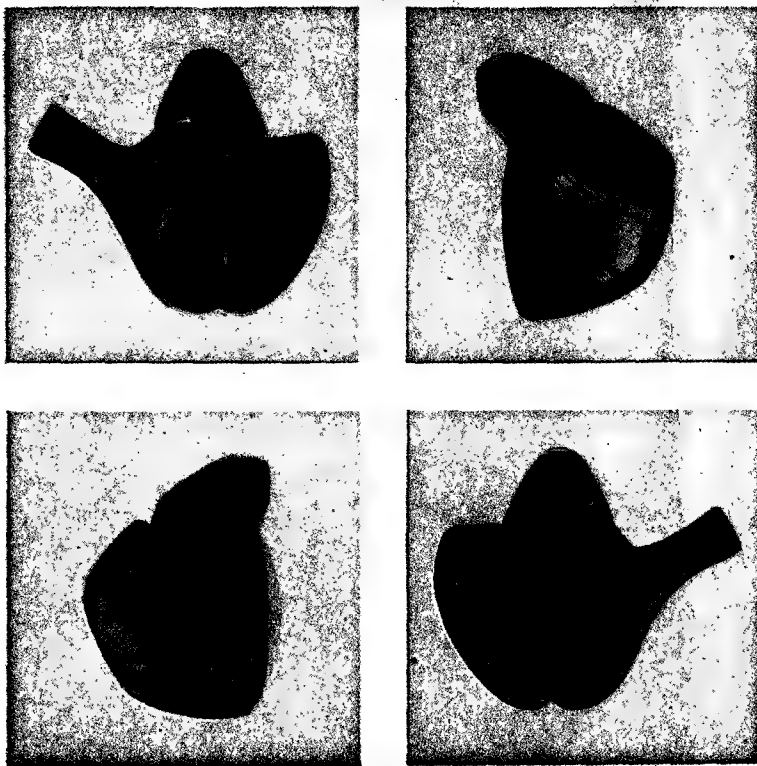


Рис. 38. Фотография модели рибосомной 50S субчастицы: четыре различные проекции (по V. D. Vasiliev et al. *J. Mol. Biol.* 1983, v. 171, p. 561–569)

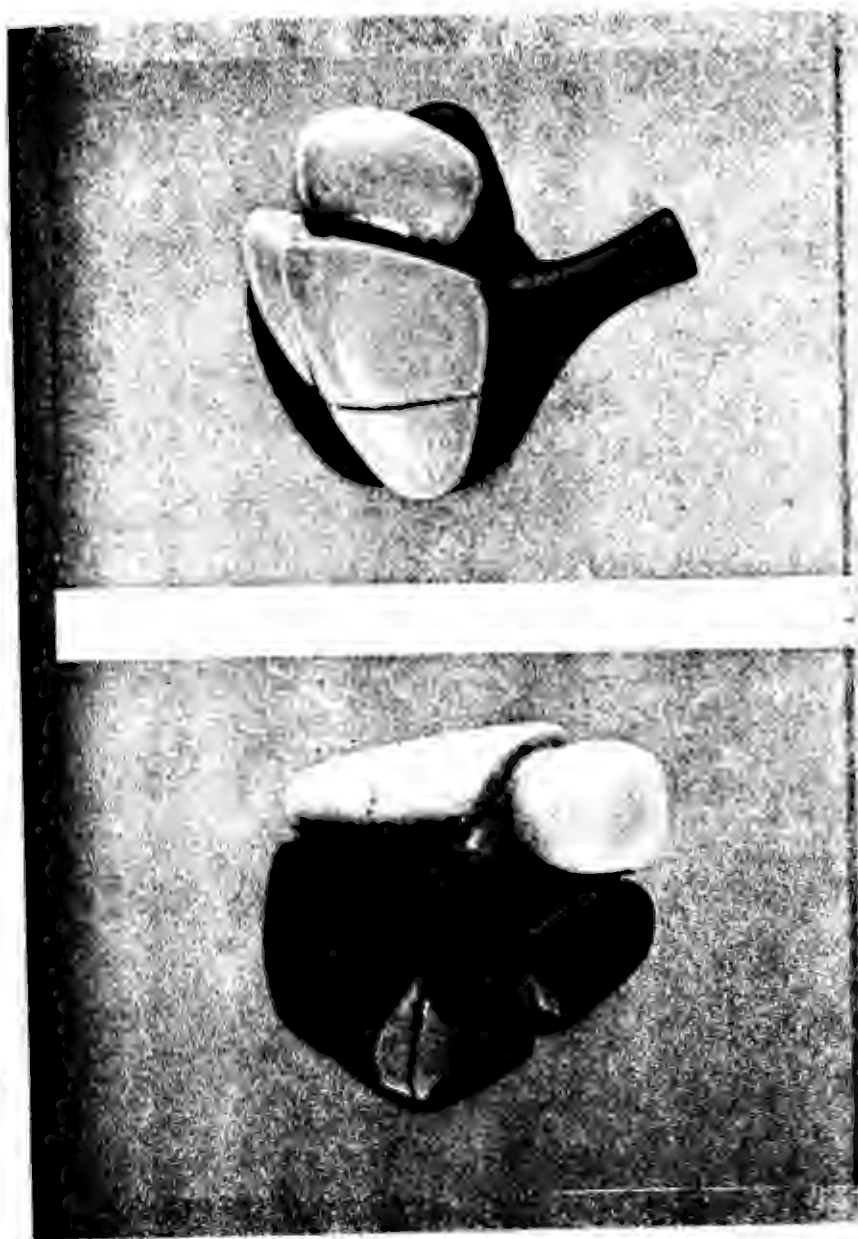


Рис. 40. Фотография модели 70S рибосомы, построенной из 30S субчастицы (желтая) и 50S субчастицы (красная) путем ассоциации «головка к головке» и «боковой выступ к боковому выступу» (по V. D. Vasiliev et al. FEBS Lett., 1983, v. 155, p. 167-172)

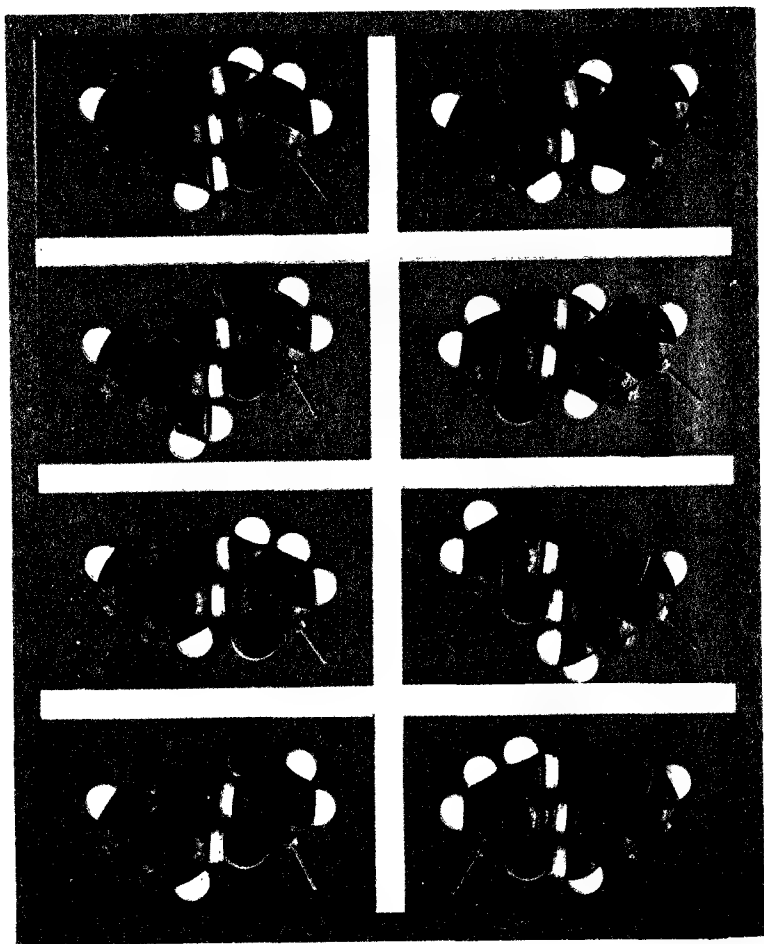


Рис. 92. Масштабные атомные модели пар оснований, реализуемых при взаимодействии первого основания антикодона с третьим основанием кодона:

колонка слева, сверху вниз: $G \cdot C$, $G \cdot U$, $I \cdot C$ и $I \cdot U$; колонка справа, сверху вниз: $I \cdot A$, $U \cdot A$, $U \cdot G$ и $C \cdot G$; обозначения те же, что на рис. 19.

- Gauss D. H., Sprinzl M. Compilation of tRNA sequences. — *Nucleic Acids Res.*, 1983, v. 11, p. r1–r53.
- Hoagland M. B., Zamecnik P. C., Stephenson M. L. Intermediate reactions in protein biosynthesis. — *Biochim. Biophys. Acta*, 1957, v. 24, p. 215–216.
- Kiselev L. L., Favorova O. O. Aminoacyl-tRNA synthetases: Some recent results and achievements. — *Adv. Enzym.*, 1974, v. 40, p. 141–238.
- Ogata K., Nohara H. The possible role of the ribonucleic acid (RNA) of the pH 5 enzyme in amino acid activation. — *Biochim. Biophys. Acta*, 1957, v. 25, p. 659–660.
- Rich A., RajBhandary U. L. Transfer RNA: Molecular structure, sequence and properties. — *Ann. Rev. Biochem.*, 1976, v. 45, p. 805–860.
- Rich A., Schimmel P. R. Structural organization of complexes of transfer RNAs with aminoacyl transfer RNA synthetases. — *Nucleic Acids Res.*, 1977, v. 4, p. 1649–1665.
- Schimmel P., Söll D. Aminoacyl-tRNA synthetases: General features and recognition transfer RNAs. — *Ann. Rev. Biochem.*, 1979, v. 48, p. 601–648.

Глава IV.

РИБОСОМЫ И ТРАНСЛЯЦИЯ

1. ПЕРВЫЕ НАБЛЮДЕНИЯ

К 1940 г. Альберту Клоду (США) удалось выделить из животных клеток цитоплазматические РНК-содержащие гранулы, более мелкие, чем митохондрии и лизосомы (от 50 до 200 мкм в диаметре); позднее он назвал их микросомами. Химические анализы указывали, что микросомы Клода были «фосфолипидно-рибонуклеопротеидными комплексами». С другой стороны, цитохимические работы Т. Касперсона (Швеция) и Ж. Браше (Бельгия) продемонстрировали преимущественно цитоплазматическую локализацию РНК и корреляцию количества РНК в цитоплазме с интенсивностью белкового синтеза.

После этого ряд исследователей время от времени сообщали о выделении из цитоплазмы животных или растительных клеток, а также из бактерий РНК-содержащих частиц, гораздо более мелких, чем микросомы. Электронная микроскопия и седиментационный анализ в ультрацентрифуге указывали, что частицы компактны, более или менее сферичны и гомогенны по размеру, имея диаметр 10–20 нм и обнаруживая резкие седиментационные границы с коэффициентами седиментации от 30–40S до 70–90S. Пожалуй, первое ясное свидетельство, что такие частицы бактерий являются рибонуклеопротеидами, было получено Г. К. Шахманом, А. Б. Парди и Р. Станиером (США) в 1952 г.

Улучшенная техника микротомии и электронной микроскопии ультратонких срезов животных клеток привела к выявлению однородных плотных гранул с диаметром около 15 нм непосредственно в клетке. Электронно-микроскопические исследования Дж. Паладе (США), проведенные в 1953–1955 гг., показали, что маленькие плотные гранулы в изобилии содержатся в цитоплазме животных клеток. Они видны либо присоединенными к мембране эндоплазматического ретикулума, либо свободно рассеяны в цитоплазме.

Микросомы Клода оказались фрагментами эндоплазматического ретикулума с сидящими на них гранулами (Дж. Паладе и Ф. Сикевич, 1956). Выяснилось, что эти «гранулы Паладе» являются рибонуклеопротеидными частицами и что они представляют основную массу цитоплазматической РНК, обеспечивающей белковый синтез.

В 1956—1958 гг. в ряде лабораторий США были выделены и изучены чистые препараты рибонуклеопротеидных частиц — сначала 80S частиц из дрожжей Ф.-Ц. Чао и Г. К. Шахманом, из растений П. Тсо, Дж. Боннером и Дж. Виноградом и из животных М. Петерманн и М. Гамильтон, а затем 70S частиц из бактерий (*E. coli*) А. Тиссиером и Дж. Уотсоном. В 1958 г. состоялся первый Симпозиум, посвященный этим частицам и их участию в биосинтезе белка (Первый Симпозиум Биофизического Общества США при Массачусеттском Технологическом Институте. Кэмбридж, февраль 5—8, 1958); в ходе Симпозиума Р. Б. Робертсом был предложен термин «рибосома» для обозначения рассматриваемых рибонуклеопротеидных частиц.

Исследования функциональной роли рибосом шли параллельно с их обнаружением и структурным описанием. Первой убедительной демонстрацией того, что именно рибонуклеопротеидные частицы микросом ответственны за включение аминокислот в новосинтезированный белок, были эксперименты П. Замечника с сотрудниками (США), опубликованные в 1955 г. За этим последовали эксперименты из той же лаборатории, показавшие, что свободные рибосомы, не прикрепленные к мембранам эндоплазматического ретикулума, также включают аминокислоты и синтезируют белок, освобождаящийся затем в растворимую фазу (1957). Функции бактериальных рибосом были предметом интенсивных исследований группы Р. Б. Робертса (США); К. Мак Киллен, Р. Б. Робертс и Р. Дж. Бриттен в 1959 г. окончательно установили, что белки синтезируются в рибосомах и затем распределяются по другим частям бактериальной клетки.

2. ЛОКАЛИЗАЦИЯ РИБОСОМ В КЛЕТКЕ

Итак, рибосомы обильно наполняют клетки, ведущие интенсивный белковый синтез. В бактериальной клетке они рассеяны по всей протоплазме, составляя до 30%, а иногда и более, ее сухой массы; на одну бактериальную клетку приходится грубо 10^4 рибосом.

В эукариотических клетках относительное содержание (концентрация) рибосом меньше, и их количество очень сильно варьирует в зависимости от белоксинтезирующей активности соответствующей ткани или отдельной клетки. Основная масса рибосом локализована в цитоплазме (рис. 29). В клетках с интенсивной секрецией белка и развитой сетью эндоплазматического ретикулума значительная часть цитоплазматических рибосом прикреплена к его мембране на поверхности, обращенной к цитоплазматическому матриксу; в некоторых частях ретикулума их может быть много, в то время



Рис. 29. Электронные микрофотографии рибосом на ультратонких срезах:

а — участок цитоплазмы клетки печени крысы (предоставлена проф. Ю. С. Ченцовым, МГУ им. М. В. Ломоносова). Видны рибосомы на мембранах шероховатого эндоплазматического ретикулума, а также группы свободных рибосом. Фиксация глутаральдегидом; *б* — клетки морской бактерии *Vibrio alginolyticus* (предоставлена Л. Е. Баксевой, МГУ им. М. В. Ломоносова). Видно, что цитоплазма наполнена рибосомами. Фиксация четырехокисью осмия

как другие остаются свободными. Эти рибосомы синтезируют белки, которые непосредственно транспортируются в мембранный просвет для дальнейшей секреции. Синтез белков для внутриклеточных нужд происходит в основном на «свободных» (не связанных с мембраной, а рассеянных в цитоплазматическом матриксе) рибосомах цитоплазмы. Поэтому цитоплазма эмбриональных, недифференцированных, быстро растущих и размножающихся клеток содержит преимущественно свободные рибосомы.

Все рибосомы цитоплазматического матрикса (как мембрано-связанные, так и свободные) образуются в ядрышке эукариотической клетки и соответственно обнаруживаются также в этом компартменте клеточного ядра; считается, что в ядрышке они не активны.

Кроме того, эукариотическая клетка имеет специальные рибосомы в таких внутриклеточных органеллах, как митохондрии и, в случае растений, хлоропласты. Рибосомы этих органелл отличаются от цитоплазматических рибосом слегка меньшими размерами, другим химическим составом и некоторыми функциональными свойствами. Они образуются непосредственно в органеллах.

3. ПРОКАРИОТИЧЕСКИЙ И ЭУКАРИОТИЧЕСКИЙ ТИПЫ РИБОСОМ

Имеется два главных типа рибосом в живой природе (рис. 30).

Всем прокариотическим организмам, включая грамположительные и грамотрицательные эубактерии, актиномицеты и синезеленые водоросли, а также архебактерии (метабактерии), свойственны 70S рибосомы. Они, соответственно, характеризуются седиментационным коэффициентом около 70S. Их молекулярная масса составляет около $2,5 \cdot 10^6$ дальтон, а линейные размеры (средний диаметр) в лиофильно-высушенном состоянии около 20–25 нм. По химическому составу они — чистые рибонуклеопротеиды, т. е. состоят только из РНК и белка.

Соотношение масс РНК: белок в них около 2:1; соответственно, парциальный удельный объем 70S рибосом около 0,60 см³/г, а плавучая плотность в CsCl 1,64 г/см³. РНК в рибосомах присутствует главным образом в виде ее Mg²⁺-, и, по-видимому, частично Ca²⁺-соли; Mg составляет до 2% сухой массы рибосом. Кроме того, в варьирующих количествах (до 2,5% сухой массы) могут присутствовать также органические катионы, такие как спермин, спермидин, кадаверин и путресцин. Количество связанной воды в 70S рибосомах относительно невелико и составляет около 1 г/г, т. е. рибосомы в водной среде суть довольно компактные, не разбухшие частицы.

Морфологически все 70S рибосомы прокариотических организмов поразительно универсальны, и лишь у рибосомных частиц архебактерий (метабактерий) можно обнаружить некоторые отличия от эубактериальных частиц (см. следующую часть книги).

Цитоплазма клеток всех эукариотических организмов, включая

	ПРОКАРИОТИЧЕСКИЙ ТИП	ЭУКАРИОТИЧЕСКИЙ ТИП
	70S РИБОСОМЫ ЭУБАКТЕРИЙ, СИНЕЗЕЛЕННЫХ ВОДОРОСЛЕЙ И ХЛОРОПЛАСТОВ	ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКИЕ 80S РИБОСОМЫ ЖИВОТНЫХ, ГРИБОВ И РАСТЕНИЙ
МОЛ. МАССА, ДАЛЬТОН	$2,5 \cdot 10^6$	$4 \cdot 10^6$
РАЗМЕР	20-25 нм	25-30 нм
РНК : БЕЛОК всего соотношение	2 : 1	1 : 1
	70S РИБОСОМЫ АРХЕБАКТЕРИЙ (МЕТАБАКТЕРИЙ)	
	МИТОХОНДРИАЛЬНЫЕ 75S РИБОСОМЫ ГРИБОВ	
	МИТОХОНДРИАЛЬНЫЕ 55S РИБОСОМЫ ("МИНИРИБОСОМЫ") МЛЕКОПИТАЮЩИХ	

Рис. 30. Прокариотический и эукариотический типы рибосом.

животных, грибы, растения и простейших, содержит несколько более крупные 80S рибосомы. Их молекулярная масса составляет около $4 \cdot 10^6$ дальтон, а линейные размеры от 25 до 30 нм (в лиофильно-высушенном состоянии). Они также включают только два типа биополимеров — РНК и белок, но содержание белка в них существенно больше, чем в прокариотических рибосомах; соотношение масс РНК: белок около 1 : 1, парциальный удельный объем около $0,65 \text{ см}^3/\text{г}$ и плавучая плотность в CsCl $1,55\text{--}1,59 \text{ г}/\text{см}^3$. Важно отметить, что абсолютное количество как РНК, так и белка (а не только пропорция белка) в 80S рибосомах существенно больше, чем в 70S рибосомах. Рибосомная РНК 80S рибосом также связана, в основном, с такими двувалентными катионами, как Mg^{2+} и Ca^{2+} , а также с небольшим количеством полиаминов и диаминов (спермин, спермидин, путресцин).

Поразительная универсальность морфологии всех 80S рибосом,

независимо от их принадлежности тому или другому царству эукариот, должна быть также отмечена.

Однако хлоропласты и митохондрии эукариотических клеток содержат рибосомы, отличные от 80S типа. Рибосомы хлоропластов высших растений принадлежат к истинному 70S типу и практически не отличимы от рибосом эубактерий и синезеленых водорослей по вышеприведенным показателям и по более детальным молекулярным характеристикам. Митохондриальные рибосомы более разнообразны в зависимости от принадлежности организма к тому или иному царству эукариот. Наиболее изучены рибосомы митохондрий грибов и млекопитающих. Митохондриальные рибосомы грибов (*Saccharomyces*, *Neurospora*) похожи на прокариотические 70S рибосомы, но, может быть, лишь слегка крупнее (около 75S) и содержат относительно больше белка; абсолютное содержание рибосомной РНК в них, по-видимому, почти такое же, как в типичных 70S рибосомах. Митохондриальные рибосомы млекопитающих, однако, существенно мельче типичных 70S рибосом, имея также и существенно меньшее абсолютное количество рибосомной РНК на частицу; их иногда называют «мини-рибосомами». Действительно, коэффициент седиментации рибосом из митохондрий млекопитающих составляет всего около 55S, а totalная масса рибосомной РНК на частицу более чем на 1/3 меньше, чем в типичных 70S рибосомах. В то же время, митохондриальные рибосомы млекопитающих содержат довольно много белка, так что общие размеры их как будто бы не сильно отличаются от таковых прокариотических рибосом. В целом, несмотря на ряд необычных черт, по ряду своих признаков, и в том числе по функциональному поведению, митохондриальные рибосомы млекопитающих все же близки к прокариотическим 70S рибосомам.

4. ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОЕ СЧИТЫВАНИЕ мРНК РИБСОМАМИ. ПОЛИРИБСОМЫ

В процессе белкового синтеза рибосома каждый раз связана лишь с ограниченным отрезком матричного полинуклеотида (мРНК). Так как отрезки матричного полинуклеотида, непосредственно связанные с рибосомами, оказываются защищенными от действия нуклеаз, они могут быть выделены после нуклеазной обработки комплексов рибосома · матрица. Длина таких отрезков была найдена равной от 20 до 60 нуклеотидных остатков. В то же время, длина кодирующей последовательности мРНК обычно превосходит 300 нуклеотидных остатков. Отсюда давно стало очевидно, что для считывания всей кодирующей последовательности мРНК рибосома должна **последовательно пройти** (или, что то же самое, последовательно протащить через себя) матрицу, от 5'-концевой части кодирующей последовательности до ее 3'-концевой части. Другими словами, рибосома должна работать как лентопротяжный механизм.

Какова же скорость движения рибосомы вдоль информационной РНК? В бактериальной клетке, например, *E. coli*, белок размером около 300 аминокислотных остатков, синтезируется приблизи-

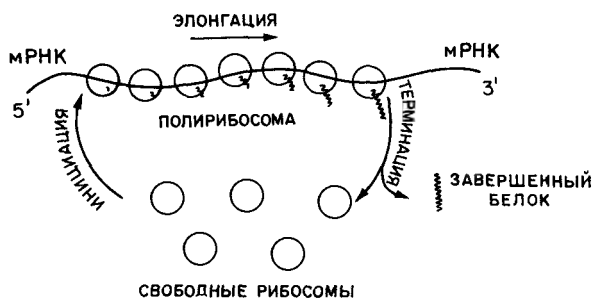


Рис. 31. Схема полирибосомы

тельно за двадцать секунд (при 37°C). Это значит, что рибосома пробегает приблизительно 40–50 нуклеотидных остатков мРНК в секунду. Скорость считывания мРНК у эукариот может достигать близкого значения (30 нуклеотидов в секунду), но регуляторные воздействия могут уменьшить ее до 3–10 нуклеотидов в секунду (см. гл. V. V).

Продвигаясь вдоль матричного полинуклеотида от 5'-конца к 3'-концу, рибосома через какое-то время освободит 5'-концевой участок матрицы. Тогда этот участок может начать считывать другая рибосома. Так же отойдя от 5'-концевой части, она предоставит возможность начать считывание третьей рибосоме. И так далее. Так, идя вдоль матрицы друг за другом, ряд рибосом оказываются читающими одну и ту же информацию и, следовательно, синтезирующими идентичные полипептидные цепи, но находящимися на разных стадиях формирования полипептида. Это схематически представлено на рис. 31, где рибосомы у 3'-конца матрицы уже нарастили длинный, почти законченный полипептид, рибосомы в середине несут полипептид в половину его запрограммированной длины, и рибосомы у 5'-конца содержат лишь короткие пептиды, в самом начале их удлинения. Такая структура, где матричный полинуклеотид ассоциирован со многими транслирующими рибосомами, получила название *полирибосомы*.

То, что рибонуклеопротеидные гранулы (рибосомы) не равномерно диспергированы в цитоплазме животных клеток или в препарате частиц, полученных из микросом, а часто собраны в группы (цепи или кластеры), было отмечено еще в ранних электронно-микроскопических наблюдениях Дж. Паладе и др. Доказательство того, что такие агрегаты рибосом представляют собой частицы, соединенные цепью мРНК и находящиеся в процессе трансляции, были представлены одновременно несколькими группами в 1963 г.

При интенсивном белковом синтезе расстояние между рибосомами вдоль цепи мРНК в полирибосоме может быть предельно коротким, так что рибосомы будут находиться почти вплотную друг к другу. Другими словами, на каждую рибосому может приходиться всего от 20 до 60 нуклеотидных остатков. Это значит, что приблизительно каждую секунду одна рибосома будет завершать синтез белка у

3'-конца кодирующей части мРНК и соскакивать с матрицы, и одна рибосома будет садиться на матрицу у 5'-конца и начинать движение по направлению к 3'-концу.

Открытие полирибосом как формы существования транслирующих рибосом в клетке сделало понятным тот факт, что рибосом в клетке много, а мРНК мало. Действительно, часто приводят цифры, что рибосомная РНК составляет 80% тотальной РНК клетки, а мРНК, как правило, не более 5%. В свете полирибосомной организации транслирующего аппарата это понятно: одну мРНК транслирует много рибосом, так что на одну часть транслируемой мРНК может приходиться до 100–200 частей рибосомной РНК.

5. СТАДИИ ТРАНСЛЯЦИИ: ИНИЦИАЦИЯ, ЭЛОНГАЦИЯ И ТЕРМИНАЦИЯ

Рибосома начинает читать мРНК со строго определенной точки ее последовательности, а именно с той, с которой начинается ее кодирующая часть. Как уже отмечалось, эта точка вовсе не есть самый крайний 5'-концевой нуклеотид мРНК, а как правило, расположена на определенном удалении, иногда значительном, от начала полинуклеотидной цепи. Рибосома должна каким-то образом узнать начальную точку считывания, связаться с ней, и только тогда начать трансляцию. Комплекс событий, обеспечивающих процесс начала трансляции, обозначается как стадия *инициации*. В инициации принимают участие специальный инициаторный кодон, инициаторная тРНК и белки, называемые факторами инициации.

Пройдя стадию инициации, рибосома переходит к последовательному прочтению кодонов мРНК по направлению к 3'-концу. Прочтение мРНК предполагает последовательный синтез полипептидной цепи белка, кодируемого мРНК. Синтез происходит на рибосоме путем последовательного добавления одного аминокислотного остатка за другим к строящейся полипептидной цепи; таким путем осуществляется элонгация пептида. Каждый новый аминокислотный остаток добавляется к карбоксильному концу (С-концу) пептида, т. е. С-конец пептида является растущим. Добавление одного аминокислотного остатка соответствует прочтению одного нуклеотидного триплета. Весь этот процесс собственно трансляции кодирующей части мРНК называют стадией *элонгации*.

Когда рибосома достигнет терминирующего кодона мРНК, синтез полипептида прекращается. В присутствии терминирующего кодона рибосома не связывает какой-либо аминоацил-тРНК, а вместо них в дело вступают специальные белки, называемые факторами терминации. Под их действием синтезированный полипептид освобождается из рибосомы. Эта стадия называется *терминацией* трансляции. После терминации рибосома может либо сойти с мРНК, либо продолжать скользить вдоль нее, не транслируя.

Встреча рибосомы с новым инициаторным кодоном, либо на другой цепи мРНК, либо на этой же по направлению к 3'-концу от терминирующего кодона, приведет к новой инициации. Таким образом,

каждая рибосома проходит полный цикл трансляции, включающий инициацию, элонгацию и терминацию; в результате такого эписикла прочитывается вся кодирующая последовательность мРНК и синтезируется законченная полипептидная цепь белка (рис. 31). После этого рибосома может повторить цикл с другой цепью мРНК или другой кодирующей последовательностью той же цепи.

6. БЕСКЛЕТОЧНЫЕ СИСТЕМЫ ТРАНСЛЯЦИИ

Синтез белка на рибосомах может быть воспроизведен в искусственных условиях вне клетки. Включение аминокислот в белки в гомогенатах и экстрактах клетки, а также препаратами микросом в бесклеточных системах было продемонстрировано уже давно; пожалуй, первыми были бесклеточные системы из животных тканей, и, в частности, из печени крысы, о которых сообщили Ф. Сикевич и П. Замечник (США) в 1951 г. и П. Замечник в 1953 г. Вскоре после этого было показано, что включение аминокислот (синтез белка) в бесклеточной системе происходит на рибонуклеопротеидных частицах (рибосомах). Бесклеточные системы синтеза белка с бактериальными (*E. coli*) рибосомами были созданы почти одновременно Д. Шахтшабелом и В. Циллигом (ФРГ), М. Ламборг и П. Замечником (США) и А. Тиссиером, Д. Шлессингером и Ф. Гро (США) в 1959–1960 гг. Все эти системы были основаны на трансляции своей эндогенной матрицы; фактически рибосомы лишь продолжали синтез полипептидов на мРНК, к которым они уже были присоединены в момент выделения. Г. Маттей и М. Ниренберг в 1961 г. улучшили систему, освободили рибосомы от эндогенных матриц и впервые ввели экзогенную матрицу в бесклеточную рибосомную систему; одним из их главных достижений было использование синтетических полинуклеотидов, получаемых с помощью полинуклеотидфосфорилазы, в том числе простых матриц типа поли(U), поли(A) и др.

В настоящее время бесклеточная система синтеза белков может быть составлена из хорошо охарактеризованных, высокоочищенных компонентов, включая рибосомы, матричный полинуклеотид и набор аминоацил-тРНК или систему ацилирования тРНК (тРНК, аминокислоты, АТФ и аминоацил-тРНК-синтетазы), а также набор специальных белков, называемых факторами трансляции, и ГТФ. Простейшая бесклеточная рибосомная система синтеза полипептида, на которой могут изучаться принципиальные механизмы трансляции, включает всего 6 высокомолекулярных компонентов плюс ГТФ; например, поли(U)-направляемая система может быть составлена из:

70S рибосом *E. coli*
Poly (U)
Phe-tRNA
EF-T_u (белок с мол. массой 47000)
EF-T_s (белок с мол. массой 34000)
EF-G (белок с мол. массой 83000)
GTP

Для трансляции природных матриц и вирусных РНК бесклеточная прокариотическая система должна быть дополнена полным набором аминоацил-тРНК, тремя белками, необходимыми для инициации трансляции (IF-1, IF-2 и IF-3), и тремя белками, нужными для терминирования трансляции (RF-1, RF-2 и RF-3).

В случае использования эукариотических 80S рибосом для трансляции в бесклеточной системе все соответствующие белковые факторы должны быть также эукариотического происхождения. Это два фактора элонгации EF-1 и EF-2 (вместо EF-T_u, EF-T_s и EF-G), многочисленный набор факторов инициации (eIF-1, eIF-2, eIF-3, eIF-4A, eIF-4B, eIF-4C, eIF-4D, eIF-4E, eIF-4F, eIF-5) и один высокомолекулярный фактор терминирования (eRF). Для инициации в эукариотических системах требуется также АТФ.

Важным условием для бесклеточной системы является ионная среда, и в первую очередь надлежащая концентрация ионов магния. Обычный интервал концентраций Mg²⁺, в котором работают рибосомы в бесклеточной системе, от 3 мМ до 20 мМ; оптимум лежит где-то между этими значениями и зависит от рибосом и концентрации одновалентного катиона (K⁺ или NH₄⁺), а также от температуры инкубации.

Основные факты, касающиеся трансляции и ее молекулярных механизмов, были получены и получаются в настоящее время на бесклеточных системах.

Рекомендуемая литература

Биосинтез белка и его регуляция: Пер. с англ./Под ред. Я. М. Варшавского. — М.: Мир, 1967. С. 9–32; 50–60; 160–193.

Живая клетка: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. — М.: Мир, 1966. С. 219–237.

Структура и функция клетки: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1964. С. 197–215.

Питерман М. Физические и химические свойства рибосом: Пер. с англ./Под ред. Е. Ф. Романцева. — М.: Мир, 1967.

Спирин А. С., Гаврилова Л. П. Рибосома. — М.: Наука, 1971.

Bielka H., ed. The Eukaryotic Ribosome. Berlin: Akademie-Verlag, 1982.

Nomura M., Tissières A., Lengyel P., eds. Ribosomes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 3–12; 13–52.

Roberts R. B., ed. Microsomal Particles and Protein Synthesis. 1st Symp. of the Biophysical Society, the Massachusetts Institute of Technology, Cambridge (Mass.), February 5, 6 and 8, 1958. London, New York, Paris, Los Angeles: Pergamon Press.

Brachet J. La localisation des acides pentosenucléiques dans les tissus animaux et les oeufs d'amphibiens en voie de développement. — Arch. Biol., 1942, v. 53, p. 207–257.

Casperson T. Studien über den Eiweissumsatz der Zelle. — Naturwissenschaften, 1941, v. 29, p. 33–43.

Chao F.-C., Schachman H. K. The isolation and characterization of a macromolecular ribonucleoprotein from yeast. — Arch. Biochem. Biophys., 1959, v. 61, p. 220–230.

Claude A. Particulate components of normal and tumor cells. — Science, 1940, v. 91, p. 77–78.

Gierer A. Function of aggregated reticulocyte ribosomes in protein synthesis. — J. Mol. Biol., 1963, v. 6, p. 148–157.

Lamborg M., Zamecnik P. C. Amino acid incorporation by extracts of *E. coli*. — Biochim. Biophys. Acta, 1960, v. 42, p. 206–211.

Littlefield J. W., Keller E. B. Incorporation of C¹⁴ amino acids into ribonucleoprotein particles from the Ehrlich mouse ascites tumor. — J. Biol. Chem., 1957, v. 224, p. 13–30.

Littlefield J. W., Keller E. B., Gross J., Zamecnik P. C. Studies on cytoplasmic ribonucleoprotein particles from the liver of the rat. — J. Biol. Chem., 1955, v. 217, p. 111–123.

Matthaei H., Nirenberg M. W. The dependence of cell-free protein synthesis in *E. coli* upon RNA prepared from ribosomes. – Biochem. Biophys. Res. Commun., 1961, v. 4, p. 184–189.

McQuillen K., Roberts R. B., Britten R. J. Synthesis of nascent protein by ribosomes in *Escherichia coli*. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1959, v. 45, p. 1437–1447.

Nirenberg M. W., Matthaei J. H. The dependence of cell-free protein synthesis in *E. coli* upon naturally occurring or synthetic polynucleotides. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1961, v. 47, p. 1588–1602.

Palade G. E. A small particulate component of the cytoplasm. – J. Biophys. Biochem. Cytol., 1955, v. 1, p. 59–68.

Palade G. E., Siekevitz P. Liver microsomes. – J. Biophys. Biochem. Cytol., 1956, v. 2, p. 171–200.

Penman S., Scherrer K., Becker Y., Darnell J. Polyribosomes in normal and poliovirus-infected HeLa cells and their relationship to messenger-RNA. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1963, v. 49, p. 654–662.

Petermann M. L., Hamilton M. G. The purification and properties of cytoplasmic ribonucleoprotein from rat liver. – J. Biol. Chem., 1957, v. 224, p. 725–736.

Schachman H. K., Pardee A. B., Stanier R. Y. Studies on the macromolecular organization of microbial cells. – Arch. Biochem. Biophys., 1952, v. 38, p. 245–260.

Schachtschabel D., Zillig W. Untersuchungen zur Biosynthese der Proteine. I. Über den Einbau ^{14}C -markierter Aminosäuren ins Protein zellfreier Nucleoprotein-Enzym-Systeme aus *Escherichia coli* B. – Hoppe Seyler's Z. Physiol. Chem., 1959, v. 314, p. 262–275.

Siekevitz P., Zamecnik P. C. In vitro incorporation of $1\text{-C}^{14}\text{-DL}$ -alanine into proteins of rat-liver granular fractions. – Fed. Proc., 1951, v. 10, p. 246.

Tissières A., Watson J. D. Ribonucleoprotein particles from *Escherichia coli*. – Nature, 1958, v. 182, p. 778–780.

Tissières A., Schlessinger D., Gros F. Amino acid incorporation into proteins by *E. coli* ribosomes. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1960, v. 46, p. 1450–1463.

Ts'o P.O.P., Bonner J., Vinograd J. Microsomal nucleoprotein particles from pea seedlings. – J. Biophys. Biochem. Cytol., 1956, v. 2, p. 451–465.

Warner J. R., Knopf P. M., Rich A. A multiple ribosomal structure in protein synthesis. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1963, v. 49, p. 122–129.

Watson J. D. The involvement of RNA in the synthesis of proteins. – Science, 1963, v. 140, p. 17–26.

Wettstein F. O., Staehelin T., Noll H. Ribosomal aggregate engaged in protein synthesis: characterization of the ergosome. – Nature, 1963, v. 197, p. 430–435.

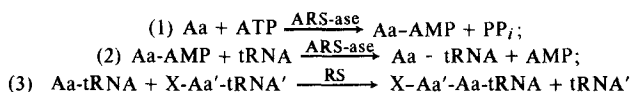
Zamecnik P. C. Incorporation of radioactivity from D, L-leucine- $1\text{-}^{14}\text{C}$ into proteins of rat liver homogenates. – Fed. Proc., 1953, v. 12, p. 295.

Zamecnik P. C., Keller E. B. Relation between phosphate energy donors and incorporation of labeled amino acids into proteins. – J. Biol. Chem., 1954, v. 209, p. 337–354.

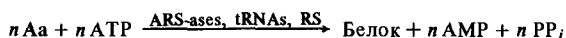
Глава V.

ХИМИЧЕСКИЕ РЕАКЦИИ И ОБЩИЙ ЭНЕРГЕТИЧЕСКИЙ БАЛАНС БИОСИНТЕЗА БЕЛКА

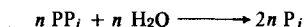
Итак, белок синтезируется из аминокислот путем **трех последовательных химических реакций**. Первые две реакции катализируются аминокил-тРНК-синтетазами, а третья, завершающая, — рибосомой:



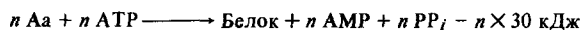
В первой реакции карбоксил аминокислоты реагирует с полифосфатной группой АТФ, так что пиррофосфатный остаток замещается на аминоацильный и образует *смешанный ангидрид*, называемый аминоациладенилатом. Во второй реакции тРНК замещает аденилатный остаток, и образуется *сложноэфирная связь* между карбоксильной группой аминокислотного остатка и гидроксилом рибозы концевой нуклеозида тРНК. Третья реакция, катализируемая рибосомой, представляет собой замещение остатка тРНК (tRNA') остатком аминоацил-тРНК, в результате чего вместо сложноэфирной связи образуется *амидная (пептидная) связь* между аминогруппой аминоацильного остатка молекулы аминоацил-тРНК и карбоксильной группой другого аминоацильного остатка (Aa'). Если конечный белок состоит из n аминокислотных остатков, то общий баланс реакций будет следующим:



Кроме того, в естественных условиях пиррофосфат гидролизуется пиррофосфатазой до ортофосфата:



Свободная энергия гидролиза пиррофосфатных связей АТФ в стандартных условиях (ΔG°) составляет около -30 кДж/моль (-7 — -8 ккал/моль). Тот же знак и то же значение свободной энергии гидролиза в стандартных условиях характерны для ангидридной связи аминоациладенилата и сложноэфирной связи аминоацил-тРНК. Свободная энергия гидролиза пептидной связи бесконечно длинного полипептида (белка) в стандартных условиях равна всего около -2 кДж/моль ($-0,5$ ккал/моль). Следовательно, весь процесс идет с освобождением большого количества свободной энергии, т. е. является термодинамически спонтанным и энергетически обеспеченным:

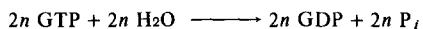


Если добавить сюда еще и гидролиз пиррофосфата, то общий энергетический баланс будет $-n \times 60$ кДж на 1 моль белка. Таким образом, при размере белка около 200 аминокислотных остатков выигрыш свободной энергии (в стандартных условиях) составит около 12000 кДж/моль (3000 ккал/моль).

Из рассмотрения энергетического баланса вышеуказанных трех реакций в отдельности видно, что первые две реакции сами по себе не дают выигрыша свободной энергии (в стандартных условиях) и, следовательно, дорибосомные этапы не должны протекать с большим сдвигом в сторону синтеза; однако сдвиг будет генерироваться при условии, если пиррофосфат гидролизуется в параллельной реакции. Основной перепад в уровнях свободной энергии между субстратами и продуктами наблюдается именно в третьей реакции, т. е. сдвиг суммарной реакции в сторону синтеза практически в любых условиях обеспечивается рибосомным этапом.

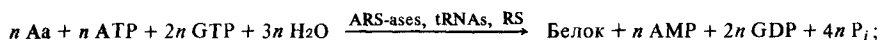
Самое поразительное, однако, состоит в том, что, несмотря на полную энергетическую обеспеченность процесса биосинтеза белка из свободных аминокислот за счет АТФ или из аминоацил-тРНК

за счет их сложноэфирных связей, на рибосомном этапе синтеза гидролизуются еще две молекулы ГТФ на каждый аминокислотный остаток:



Это дает рибосомному этапу (и, следовательно, всему процессу) дополнительный выигрыш свободной энергии около 60 кДж (15 ккал) на 1 моль аминокислоты (в стандартных условиях).

Таким образом, сумму всех химических реакций в биосинтезе белка следует записать так:



общий энергетический баланс этой суммарной реакции ΔG° составит около -120 кДж (-30 ккал) на 1 моль аминокислоты или -25000 кДж (-6000 ккал) на 1 моль белка длиной 200 аминокислотных остатков.

Однако в этом расчете была учтена только химическая сторона процесса. Важно посмотреть, насколько данная оценка может измениться, если учесть энтропийный проигрыш за счет упорядоченного расположения аминокислотных остатков вдоль цепи синтезируемого белка, а также за счет фиксированной пространственной структуры белка. Оказывается, учет детерминированного расположения аминокислотных остатков в полипептидной цепи вносит сравнительно небольшую поправку — около $+10$ кДж ($+2,5$ ккал) на моль аминокислоты. Что касается энтропийного фактора за счет упорядочения пространственной структуры синтезируемого полипептида, то здесь энтропийный проигрыш (понижение энтропии) более существен, но он компенсируется энтальпийным выигрышем в результате нековалентных взаимодействий аминокислотных остатков. Таким образом, в любом случае синтез белка сопровождается диссипацией большого количества свободной энергии.

Смысл затраты такого большого **избытка** энергии представляет собой одну из загадок и интереснейших проблем молекулярной биологии. Избыток энергии, диссипируемый в теплоту и не используемый для совершения какой бы то ни было накапливаемой полезной работы (в виде химических связей или небеспорядочного расположения остатков), должен играть какую-то важную роль в функционировании белоксинтезирующей системы. Довольно очевидно, что, во всяком случае, этот избыток энергии необходим для обеспечения высоких скоростей и высокой надежности синтеза белка.

Рекомендуемая литература

Четверин А. Б., Спиринов А. С. Биоэнергетика и синтез белка. — Успехи биол. химии, 1983. Т. XXIV. С. 3—39.

Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1978, v. 21, p. 39—62.

Часть

Б

Структура рибосомы

Глава I

МОРФОЛОГИЯ РИБОСОМЫ

1. РАЗМЕР, ВНЕШНИЙ ВИД И ПОДРАЗДЕЛЕНИЕ НА ДВЕ СУБЧАСТИЦЫ

Под электронным микроскопом рибосомы выглядят как компактные округлые частицы с линейными размерами около 25 нм (рис. 32), или несколько больше (до 30 нм) в случае эукариотических рибосом. Форма и детальные очертания рибосом из самых разнообразных организмов и клеток, включая как прокариотические, так и эукариотические, поразительно похожи.

Характерной чертой одной из видимых проекций является борозда, разделяющая рибосому на две неравные части (рис. 33). Это разделение отражает тот факт, что рибосома состоит из двух разделяемых субчастиц, или рибосомных субъединиц. Действительно, при

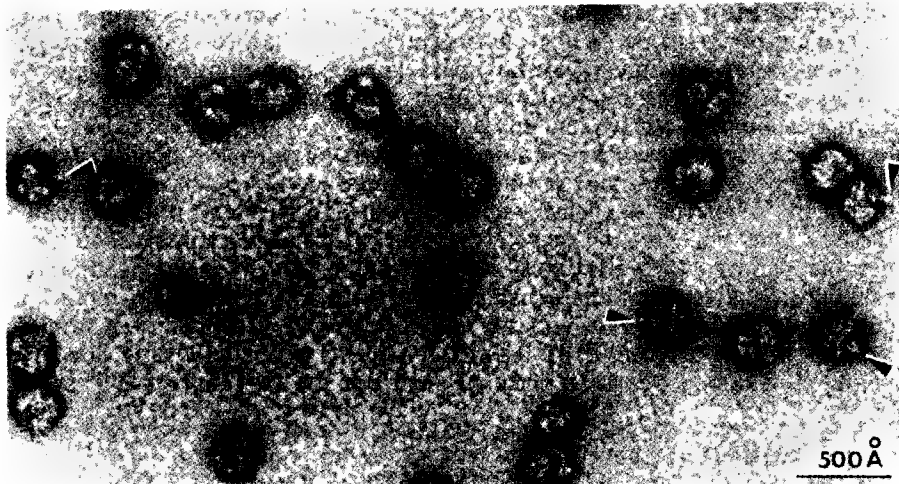


Рис. 32. Электронная микрофотография препарата 70S рибосом из *E. coli* (предоставлена В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино):

Чтобы обеспечить надлежащий контраст для наблюдения частиц под электронным микроскопом, выделенные 70S рибосомы наносятся на ультратонкую углеродную пленку; пленка с прилипшими частицами обрабатывается раствором уранилацетата и высушивается на воздухе. Уранилацетат обволакивает частицы и заполняет полости и щели. Являясь менее электронно-плотным материалом, чем уранилацетат, рибосомные частицы оказываются *негативно контрастированными* на фоне уранилацетата. Стрелки указывают на палочкообразный стержень L7 / L12, описанный в тексте

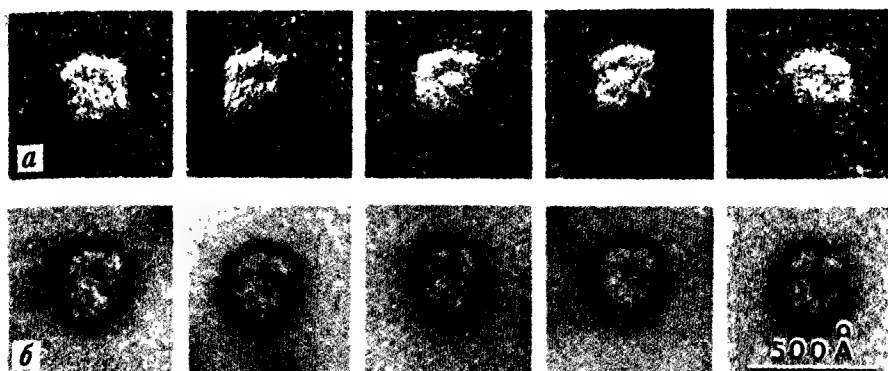


Рис. 33. Электронные микрофотографии индивидуальных 70S рибосом *E. coli*, демонстрирующие их подразделение на две неравные субчастицы (малая сверху и большая снизу) (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино): *а* — рибосомы контрастированы с помощью техники оттенения металлом. В этом случае, чтобы обеспечить надлежащий контраст, суспензия выделенных 70S рибосом наносится на поверхность углеродной пленки и высушивается из замороженного состояния; затем на частицы наносится ультратонкий слой металла (вольфрама или вольфрамо-ренийевого сплава) путем его испарения в вакууме из такого положения, что частицы металла летят под определенным углом (в данном случае около 75°) к поверхности пленки; получают *оттененные металлом* частицы; *б* — рибосомы контрастированы с помощью техники негативного контраста, как описано в подписи к рис. 32.

определенных условиях (например, при достаточном понижении концентрации Mg^{2+} в среде) рибосома диссоциирует на две субчастицы с соотношением масс около 2:1 (см. раздел V.1). Прокариотическая 70S рибосома диссоциирует на частицы с коэффициентами седиментации 50S (молекулярная масса $1,5 \cdot 10^6$ дальтон) и 30S (молекулярная масса $0,85 \cdot 10^6$ дальтон). Эукариотическая 80S рибосома может быть разделена на 60S и 40S субчастицы. Рибосомные субчастицы могут быть легко разделены в ультрацентрифуге и изучены отдельно.

2. ДЕТАЛЬНАЯ ФОРМА РИБОСОМНЫХ СУБЧАСТИЦ

Малая субчастица

Разные электронно-микроскопические проекции бактериальной (*E. coli*) рибосомной 30S субчастицы показаны на рис. 34, а фотография соответствующей морфологической модели — на рис. 35 (см. цветную вклейку). Видно, что 30S субчастица несколько продолговата; ее длина составляет около 23 нм, а ширина — около 12 нм. Она подразделяется на доли, называемые «головка», «тело» и «боковой выступ» (или «платформа»). Поперечная борозда, отделяющая головку от тела, видна наиболее четко.

Морфология эукариотической 40S субчастицы похожа, хотя можно указать на две дополнительные детали. Во-первых, это выступ головки («клюв») со стороны, противоположной боковой доле. Во-вторых,

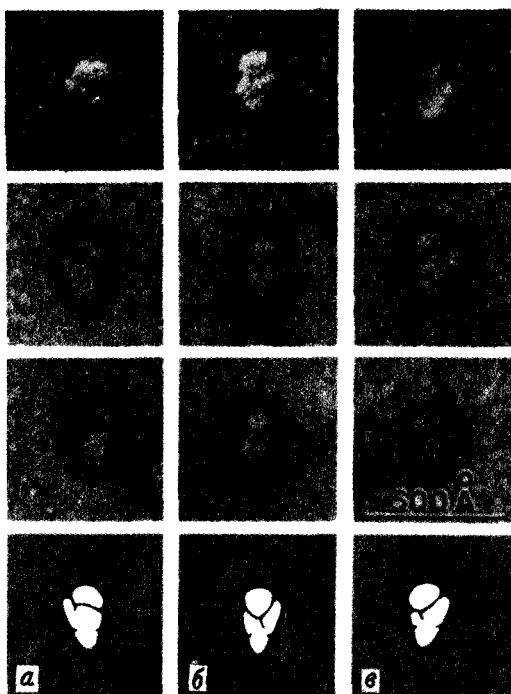


Рис. 34. Электронные микрофотографии индивидуальных 30S субчастиц рибосом *E. coli* (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино):

верхний ряд — частицы, оттененные металлом (как описано в подписи к рис. 33, а); второй и третий ряды — частицы, контрастированные уранилacetатом (как описано в подписи к рис. 32); а — колонка изображений 30S субчастицы и ее контур в проекции, как она видима со стороны, противоположной той, что обращена к 50S субчастице в рибосоме; б — колонка изображений 30S субчастицы и ее контур в узкой боковой проекции; в — колонка изображений 30S субчастицы и ее контур в проекции когда она видима со стороны, обращенной к 50S субчастице в рибосоме

рых, конец тела, дистальный по отношению к головке, как бы раздвоен за счет присутствия там какой-то дополнительной массы («эукариотические лопасти») (рис. 36).

Несколько более надежную информацию можно получить из электронных микрофотографий, если анализировать не индивидуальные изображения частиц, а их так называемые усредненные изображения. Это помогает избавиться от статистического «шума» на фотографиях и выявить действительно общие черты изображений данной частицы. Для такого усреднения подбирают какое-то разумное количество (чем больше, тем лучше) изображений одной и той же проекции частицы и располагают их упорядоченным образом в строго одинаковой ориентации. Усреднение производится с помощью фильтрации на оптическом дифрактометре. Усреднение может быть проведено также цифровыми методами, что дает более широкие возможности; при этом достигается количественная оценка степени сходства выбранных изображений, точное их совмещение, снижение высокочастотных шумов и собственно усред-

нение. В результате любого способа усреднения все случайные детали изображений убираются и выявляются элементы, общие для всех просуммированных изображений. Пример усреднения изображений негативно контрастированных 40S субчастиц из печени крысы дан на рис. 36, б. На всех трех проекциях видно, как четко, глубокой бороздой, отделена головка от остальной части частицы. На двух проекциях хорошо виден «клюв» головки. На этих же проекциях отчетливо проявляется боковая доля, частично накладывающаяся на тело частицы. Раздвоенный «хвост» («эукариотические лопасти») 40S частицы также выявляется очень ярко.

Интересно, что малая рибосомная 30S субчастица архебактерий

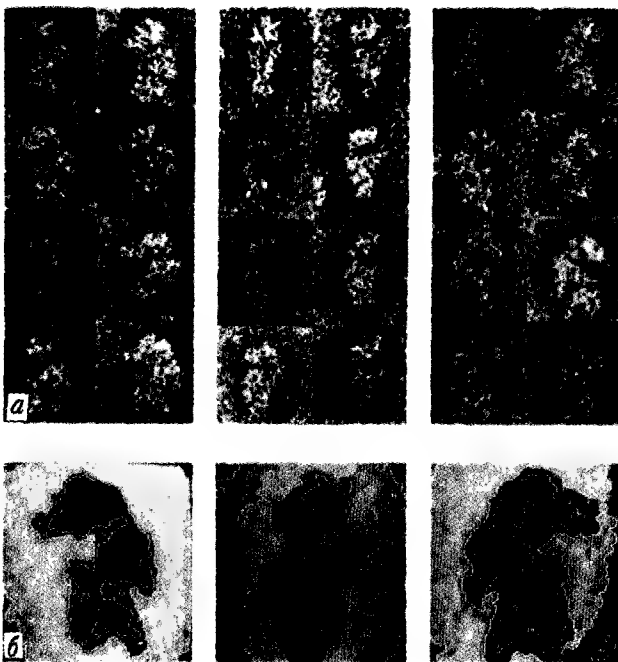


Рис. 36. Электронные микрофотографии индивидуальных 40S субчастиц рибосом печени крысы (предоставлены Н. А. Киселевым, Институт кристаллографии АН СССР, Москва):

a — частицы, контрастированные уранилацетатом (как описано в подписи к рис. 32); *б* — усредненные изображения частиц, контрастированных уранилацетатом (см. текст); три различных проекции

(метабактерий) имеет морфологию, промежуточную между таковыми 30S субчастиц эубактерий и 40S субчастиц эукариот: она имеет типичный «клюв» на головке, но не имеет «эукариотических лопастей» на конце тела.

Большая субчастица

Большие субчастицы как прокариотических (50S), так и эукариотических (60S) рибосом выглядят практически идентичными по своей форме. Разные проекции 50S субчастиц даны на рис. 37, а модель — на рис. 38 (см. цветную вклейку). Большая субчастица более изометрична, чем малая, имея во всех направлениях линейные размеры около 20–23 нм. В ней четко различаются три периферических выступа, или протуберанца: центральный, который может быть назван «головкой»; боковой палочкообразный отросток, так называемый «L7/L12-стержень»; боковой по другую сторону центрального протуберанца, обозначаемый как боковая доля, или «L1-ребро» (два боковых протуберанца 50S субчастицы *E. coli* содержат рибосомные белки L7/L12 и L1, соответственно, что специально будет рассмотрено в гл. Б.IV).

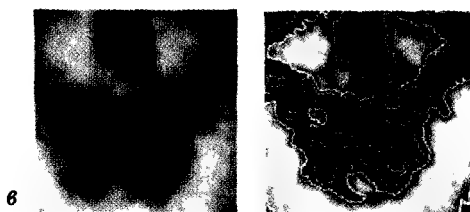
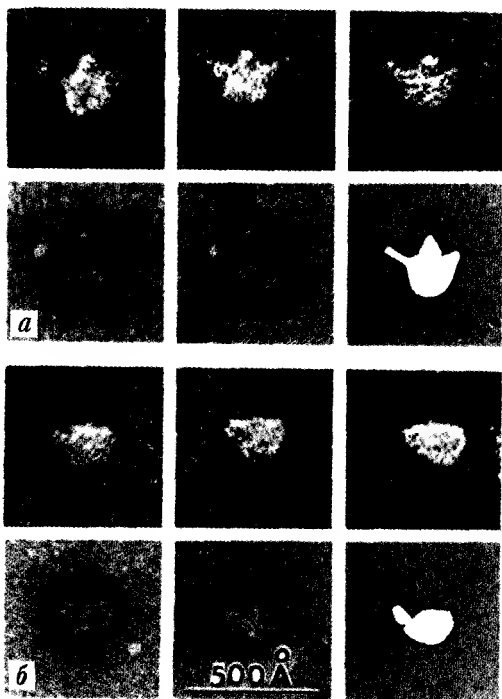


Рис. 37. Электронные микрофотографии индивидуальных 50S субчастиц рибосом *E. coli*; а и б предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушино; в предоставлена Н. А. Киселевым, Институт кристаллографии АН СССР, Москва):

верхний и третий ряд — частицы, оттененные металлом (как описано в подписи к рис. 33а); второй и четвертый ряд — частицы, контрастированные уранилацетатом (как описано в подписи к рис. 32); нижний ряд — усредненные изображения частиц, контрастированных уранилацетатом (см. текст); а — изображения 50S субчастицы и ее контур в «задней» проекции, когда она видна с выпуклой стороны, обращенной от 30S субчастицы в рибосоме; б — изображения 50S субчастицы и ее контур в боковой проекции; в — усредненные изображения 50S субчастицы в фронтальной проекции, когда она рассматривается со стороны, обращенной к 30S субчастице в рибосоме

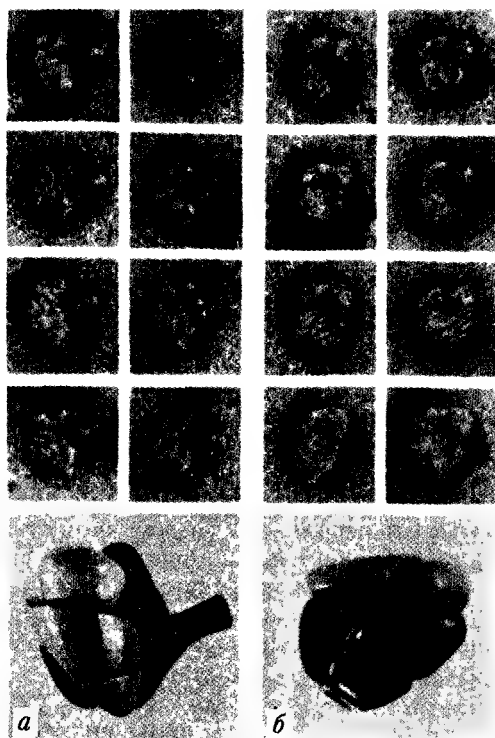
Усредненные изображения большой субчастицы *E. coli* (рис. 37, в) хорошо выявляют все те же детали, которые отмечаются на индивидуальных изображениях частиц. Опять-таки наиболее глубокая борозда отделяет головку от остальной частицы, причем борозда глубже со стороны L1-ребра, чем со стороны L7/L12-стержня. Здесь четко проявляется также раздвоение тела субчастицы, видимое на стороне, противоположной головке. Кроме того, усредненные изображения показывают, что многие более мелкие детали не являются случайными, а воспроизводятся на многих изображениях; это особенно касается так называемых «тяжеобразных структур» диаметром около 5 нм, которые видны на грани разрешения, как в малой (30S или 40S), так и в большой (50S или 60S) субчастицах и, как полагают, могут быть существенным структурным мотивом рибосомы.

3. ОБЪЕДИНЕНИЕ СУБЧАСТИЦ В ЦЕЛУЮ РИБОСОМУ

Две рибосомные субчастицы объединены в полную рибосому строго определенным образом. Контактирующей стороной 50S субчастицы является ее уплощенная сторона; если смотреть на нее, то, когда «головка» субчастицы вверх, «стержень» будет справа (рис. 37 и 38). Субчастицы ассоциированы «головка к головке», а боковой выступ к боковому выступу. Ассоциация «головка к головке» хорошо видна на электронно-микро-

скопическом изображении одной из проекций 70S рибосомы (рис. 39,б). Электронно-микроскопическое изображение другой, так называемой «перекрывающейся», проекции (рис. 39,а) показывает, что 30S субчастица закрывает лишь часть уплощенной стороны 50S субчастицы, оставляя открытым район в основании бокового стержня. Этот район, по-видимому, является местом размещения функционально важных участков рибосомы (см. гл. В.1).

Фотография модели 70S рибосомы, составленной из 30S субчастицы и 50S субчастицы путем их ассоциации «головка к головке» и «боковой выступ к боковому выступу», дана на рис. 40 (см. цветную вклейку).



Рекомендуемая литература

Спирин А. С., Гаврилова Л. П. Рибосома. М.: Наука, 1971.

Васильев В. Д. Морфологическая модель малой рибосомной 30S субчастицы. — Докл. АН СССР, 1974. Т. 219. С. 994—995.

Киселев Н. А., Орлова Е. В., Стельмажук В. Я. и др. Цифровое усреднение электронных микрофотографий 50S субъединиц рибосом. — Докл. АН СССР, 1982. Т. 267. С. 1488—1491.

Bielka H., ed. The Eukaryotic Ribosome. — Berlin: Akademie-Verlag, 1982.

Boublik M., Hellmann W. Comparison of *Artemia salina* and *Escherichia coli* ribosome structure by electron microscopy. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1978, v. 75, p. 2829—2833.

Hall C. E., Slayter H. S. Electron microscopy of ribonucleoprotein particles from *E. coli* — J. Mol. Biol., 1959, v. 1, p. 329—332.

Huxley H. E., Zubay G. Electron microscope observations on the structure of microsomal particles from *Escherichia coli*. — J. Mol. Biol., 1960, v. 2, p. 10—18.

Lake J. A. Ribosome structure determined by electron microscopy of *Escherichia coli* small subunits, large subunits and monomeric ribosomes. — J. Mol. Biol., 1976, v. 105, p. 131—159.

Lake J. A., Henderson E., Clark M. W., Matheson A. T. Mapping evolution with ribosome structure: Inralineage constancy and interlineage variation. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1982, v. 79, p. 5948—5952.

Nonomura Y., Blobel G., Sabatini D. Structure of liver ribosomes studied by negative staining. — J. Mol. Biol., 1971, v. 60, p. 303—324.

Vasiliev V. D. Electron microscopy study of 70S ribosomes of *Escherichia coli*. — FEBS Lett., 1971, v. 14, p. 203—205.

Рис. 39. Электронные микрофотографии индивидуальных 70S рибосом *E. coli* и их модель в двух различных проекциях (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пуцино):

а — перекрывающейся проекции, когда 30S субчастица лежит поверх 50S субчастицы, б — боковой проекции, видимой со стороны бокового стержня L7 / L12; частицы контрастированы уранилacetатом, как описано в подписи к рис. 32.

Глава II

РИБОСОМНЫЕ РНК

1. ЗНАЧЕНИЕ РИБОСОМНОЙ РНК

Будет не очень большим преувеличением сказать, что рибосома есть прежде всего ее РНК. Примитивный предшественник рибосомы мог бы состоять только из РНК и лишь в ходе эволюции постепенно модифицироваться белками. Прокариотическая рибосома по массе на $2/3$ состоит из РНК, и лишь на $1/3$ из белков. Эволюционно более поздняя эукариотическая рибосома уже наполовину состоит из белков. Тем не менее, именно рибосомная РНК, по-видимому, определяет основные структурные и функциональные свойства рибосомы. Ковалентно-непрерывные цепи рибосомных РНК обеспечивают целостность рибосомных субчастиц. Специфическая пространственная структура рибосомных РНК обуславливает форму и ряд морфологических особенностей субчастиц. Ассоциация субчастиц в полную рибосому является, вероятно, в той или иной степени функцией специфического сродства двух высокополимерных рибосомных РНК друг к другу. Размещение всех рибосомных белков детерминировано рибосомными РНК. Наконец, рибосомные РНК вносят решающий вклад в организацию ряда функциональных центров рибосомы.

2. ВИДЫ РИБОСОМНЫХ РНК

Как прокариотическая, так и эукариотическая рибосомы содержат две различные высокополимерные РНК, по одной на каждую субчастицу, и одну относительно низкомолекулярную РНК, так называемую 5S РНК. Кроме того, эукариотические рибосомы содержат и другую относительно низкомолекулярную РНК, так называемую 5,8S РНК, которая является гомологом 5'-концевой части (около 160 нуклеотидных остатков) высокополимерной РНК большой субчастицы прокариот. В рибосомах хлоропластов высших растений имеется также так называемая 4,5S РНК, которая является гомологом 3'-концевой части (около 100 нуклеотидных остатков) высокополимерной РНК большой субчастицы бактерий. Таким образом, 5,8S РНК эукариотических рибосом и 4,5S РНК хлоропластных рибосом являются результатом расщепления («процессинга») предшественника высокополимерной РНК большой субчастицы в процессе биогенеза или созревания рибосом; они непосредственно участвуют в формировании структуры высокополимерной РНК большой субчастицы, как и их гомологичные последовательности у бактерий (см. ниже), и поэтому могут не рассматриваться как самостоятельные виды рибосомной РНК. В дальнейшем изложении они будут обсуждаться вместе с высокополимерной РНК большой субчастицы. Не исключено, что у некоторых видов организмов могут существовать и другие разрывы ковалентной цепи высокополимерной РНК в зрелой рибосоме.

Высокополимерная РНК малой субчастицы

Малая (30S) субчастица бактериальной рибосомы содержит РНК длиной около 1500—1600 нуклеотидных остатков (1542 в *E. coli*), обозначаемую как 16S РНК. Соответственно, молекулярная масса этой РНК составляет около $0,5 \cdot 10^6$ дальтон. 16S есть коэффициент седиментации ($s_{20,w}^0$) этой РНК в изолированном состоянии при концентрациях одновалентных солей около 0,1 М без Mg^{2+} . В этих условиях, однако, она довольно разрыхлена по сравнению с ее состоянием в рибосоме. Присутствие Mg^{2+} делает РНК существенно более компактной и приближающейся к состоянию (но все же не достигающей его полностью) *in situ*; коэффициент седиментации ($s_{20,w}^0$) становится равным около 22S при 20 мМ $MgCl_2$. Наоборот, при понижении ионной силы и при нагревании компактность 16S РНК понижается и коэффициент седиментации, соответственно, падает, вплоть до значений около 2—5S в отсутствие солей или при температурах выше 60°C (разворачивание).

30S субчастица рибосомы хлоропластов высших растений имеет 16S РНК приблизительно такого же размера (1490 нуклеотидных остатков у *Zea mays*). РНК малой рибосомной субчастицы митохондрий грибов и высших растений несколько крупнее (1661 нуклеотидный остаток у дрожжей). Наоборот, «минирибосомы» митохондрий млекопитающих содержат в малой субчастице относительно короткую РНК, обозначаемую как 12S РНК (954—956 нуклеотидных остатков у человека и мыши, соответственно).

У архебактерий, таких как *Halobacterium* и *Halococcus*, 16S рибосомная РНК из 30S субчастиц оказалась очень похожей по размеру на эубактериальную 16S РНК; ее длина оказалась равной 1472—1475 нуклеотидных остатков.

Эукариотические 40S субчастицы содержат существенно более крупную рибосомную РНК, обозначаемую как 18S РНК (иногда 17S РНК). Ее длина около 1800 нуклеотидных остатков (1789 в дрожжах, 1825 в *Xenopus laevis* и 1874 у млекопитающих); соответственно, молекулярная масса — около $0,6 \cdot 10^6$ дальтон. Поведение эукариотической 18S РНК в зависимости от ионной силы и присутствия Mg^{2+} во всем сходно с поведением прокариотической 16S РНК.

Высокополимерная РНК большой субчастицы

Большая (50S) субчастица бактериальной 70S рибосомы имеет РНК длиной около 3000 нуклеотидных остатков (2904 в *E. coli*), т. е. приблизительно в два раза крупнее 16S РНК; она обозначается как 23S РНК. Молекулярная масса ее около 10^6 дальтон. В отношении ее коэффициентов седиментации и компактности в изолированном состоянии можно сказать то же, что говорилось при рассмотрении 16S РНК: при ионных силах около 0,1 в отсутствие Mg^{2+} она имеет коэффициент седиментации около 23S и промежуточную компактность; присутствие Mg^{2+} , а также полиаминов, делает ее существенно

более компактной, увеличивая коэффициент седиментации до 31–34S; понижение ионной силы и повышение температуры действуют в противоположном направлении.

Принципиально похожая 23S РНК содержится в большой субчастице 70S рибосом хлоропластов высших растений; однако ее 100-нуклеотидный 3'-концевой фрагмент отщеплен, существуя в виде естественного ковалентно несвязанного 4,5S фрагмента.

В митохондриях грибов и высших растений большая рибосомная субчастица содержит РНК, более крупную, чем бактериальная 23S РНК. В митохондриях млекопитающих ситуация обратная: РНК их большой рибосомной субчастицы существенно меньше, чем бактериальная 23S РНК.

Большая (60S) субчастица эукариотической 80S рибосомы содержит существенно более крупную РНК, чем бактериальная 23S РНК. Эта эукариотическая РНК обозначается как 26S или 28S РНК и имеет молекулярную массу от $(1,2-1,3) \cdot 10^6$ дальтон у грибов и высших растений до $(1,6-1,7) \cdot 10^6$ дальтон у птиц и млекопитающих. Соответственно, цепь 26S РНК *Saccharomyces* состоит из 3392–3393 нуклеотидных остатков, а цепь 28S РНК крысы — из 4700–4800 нуклеотидных остатков. С 26S–28S РНК тесно ассоциирована низкомолекулярная 5,8S РНК, состоящая из 160 нуклеотидных остатков и, как уже указывалось, представляющая собой гомолог 5'-концевой последовательности бактериальной 23S РНК; диссоциация 5,8S РНК от 28S РНК достигается лишь в результате разворачивания под действием температуры или денатурирующих агентов.

5S РНК большой субчастицы

Большая субчастица как прокариотических, так и эукариотических рибосом содержит относительно низкомолекулярную РНК, длиной около 120 нуклеотидных остатков, обозначаемую как 5S РНК. Грамотрицательные бактерии, включая *E. coli*, имеют 5S РНК длиной ровно 120 нуклеотидных остатков, в то время как в большинстве грамположительных бактерий длина 5S РНК составляет 115–116 остатков. Эукариотические 5S РНК тоже, как правило, состоят из 120–121 нуклеотидных остатков, за исключением 5S РНК высших растений, которые на 2–4 остатка короче.

В митохондриальных рибосомах, за исключением рибосом митохондрий высших растений, 5S РНК не найдена.

3. ПЕРВИЧНЫЕ И ВТОРИЧНЫЕ СТРУКТУРЫ

16S (18S) РНК

16S РНК *E. coli* была первой высокополимерной рибосомной РНК, полная первичная структура которой была установлена. Это было сделано как прямым химико-энзиматическим анализом нуклеотидной последовательности РНК в группе Ж. -П. Эбея, так и путем секвенирования ДНК соответствующего клонированного гена в груп-

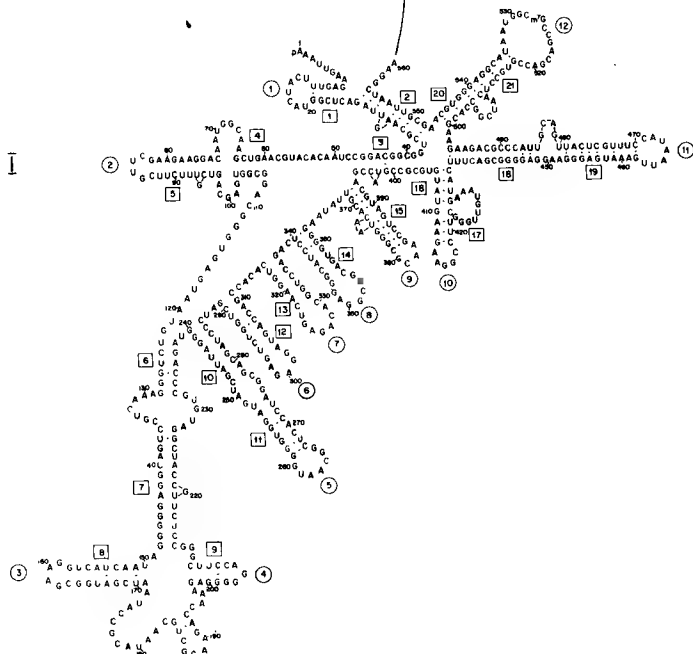
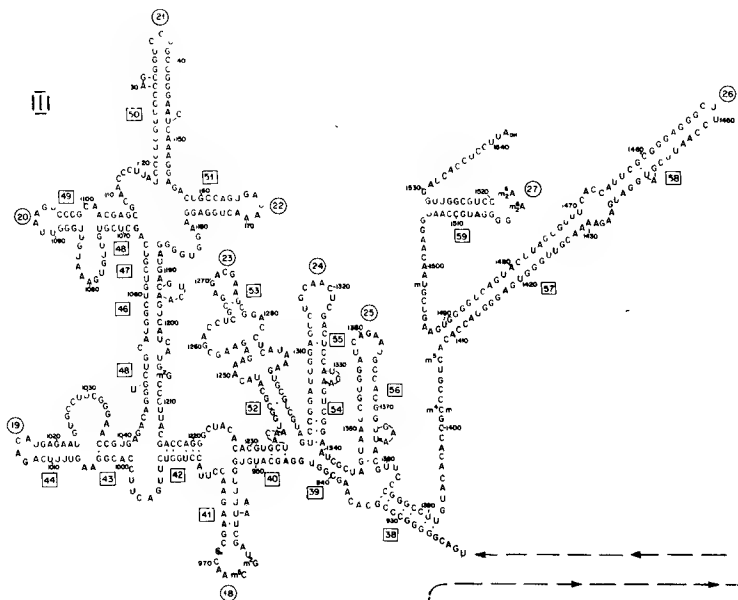
AAAUUGAAGAGUUGAUCAGGUCAGAUUGAACGUCGGCGGAGGCCUAAACAUUGCAAGUCGAACGGUAACAGGAAGAAGCUUGCUGCUUUGCUGAGG
 50 100
 AGUGGCGGACGGGUGAGUAUUGUCUGGGAACUGCCUGAUGGAGGGGGAUAAACUACUGGAAACGUAAGCUAAUACCGCAUACUGCGAAGACCAAGAG
 150 200
 GGGGACCUUGCGGGCCUUGCCAUUCGGAUGUGCCGAGUGGGAUUAUGCUAGUAGUGGGGUAACGGCUCACCUAGGCGACGAUCCUAGGUGUCUGAGA
 250 300
 GGUAUGACCAAGCCACUUGGAACUGAGACACGUCGAGACUCCUACGGGAGGCGAGUGGGGAUUAUUGCACAUAUGGGCGCAAGCCUAGCAGCGCAUUGC
 350 400
 CGCGUGUAGUAGAAGGCCUUGCGGUUGUAAGUACUUCUACGGGGAGGAAGGGGAUAAAGUUAUACCUUUGCUCUUGACGUUACCGCAGAAGAAG
 450 500
 CACCGGCUAACUCCGUGCCAGCAGCm⁷GCGGUAUACGGAGGGUGCAAGCGUUAUCGGAUUAUACUGGGCGUAAAGCGCACGCGAGGCGUUGUUAAGUCA
 550 600
 GAUGUGAAUCCCGGGCUCAACCGGGAACUGCAUCUGAUACUGGCAAGCUUGAGUCUGUAGAGGGGGUAGAUAUCCAGGUGUAGCGGUGAAUUGCG
 650 700
 UAGAGAUUGGAGGAUUAUCGGUGCGAAGCGGCCCCUGGACGAAGACUGACGCUAGGUGCGAAAGCGUGGGGAGCAACAGGAUUAUAGUACCCUGG
 750 800
 UAGUCCACCGCGUAAACGAUGUCGACUUGAGGUUGUGCCUUGAGGCGUAGCCCUUGAGGCUAACGCGUUAAGUAGCAGCGCCUGGGGAGUACGCGCGCA
 850 900
 AGGUAAAACUCAAUAGUAGCGGGGGCCGCGACAGCGGUGGAGCAUGUGGUUUAUUGCAU^m²Gm⁵CAACGCGAAGAACUUAUCUGGUCUUGACAUCCA
 950 1000
 CGGAAGUUUUCAGAGAUAGAUGUGCCUUGGGGAACCGUGAGACAGGUGUGCAUGGCGUGUCUGACGCGUGUGUGAUAUUGUUGGUUAAGUCCCGm⁵C
 1050 1100
 AACGAGCGCAACCCUUAUUCUUGUUGCCAGCGGUCGGGCCGGGAACUCAAAGGAGACUGCCAGUGAUAAACUGGAGGAAGUGGGGUAUAGCUCAAGUC
 1150 1200
 AUCAU^m²GCCCUUACGACCAAGGCUACACAGUGCUACAUAUGGCGCAUACAAAGAGAAGCGACCUCGGAGAGCAAGCGGACCUCAUAAAGUGCGUGUAG
 1250 1300
 UCCGGAUUGGAGUCUGCAACUGGACUCCAUAGAUGUCGGAUUCGUAUUAUGUGGAUCAAGAUGGCCAGGUGAAUAGUCCCGGGCCUUGUACACACC
 1350 1400
 Gm⁴Cm⁵CGU^m⁵CACACCAUGGAGUGGUGUCAAAGAAGUAGGUAGGUUAACCUUCGGGAGGGCGCUUACCAUUGUGAUUUAUGACUGGGGUGAAGUGm⁴UAA
 1450 1500
 CAAGGUAACCGUAGGGGm⁶Am⁶₂ACCUCGUGGUAUACCUCCUUA_{OH}

Рис. 41. Нуклеотидная последовательность рибосомной 16S РНК *E. coli* (по P. Carbon et al., FEBS Lett., 1978, v. 94, p. 152–156; J. Brosius et al. Proc. Nat. Acad. Sci. U. S. A., 1978, v. 75, p. 4801–4805)

пе Г. Ф. Ноллера. Полная нуклеотидная последовательность 16S РНК *E. coli* дана на рис. 41.

Естественно, что встал главный вопрос — как уложена эта длинная (1542 остатка) полинуклеотидная цепь в трехмерную структуру? До сих пор этот вопрос, к сожалению, далек от своего полного решения. Тем не менее, попытки выявить элементы пространственной структуры и, в частности, районы двуспиральных участков с комплементарными антипараллельными тяжами (спирали Уотсон — Криковского типа), были немедленно предприняты и дали свои положительные результаты.

Прежде всего, можно более или менее определенно локализовать на первичной структуре РНК те нуклеотидные остатки или олигонуклеотидные районы, которые не участвуют в комплементарном спаривании и вероятнее всего представляют собой однотяжевые секции цепи. Эти районы особенно чувствительны к таким рибонуклеазам, как панкреатическая пириимидил-РНКаза А, грибная гуанил-РНКаза Т₁, бактериальная РНКаза S₁, и к модификации их оснований такими



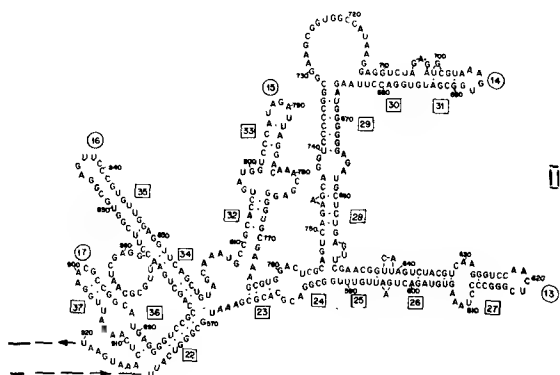


Рис. 42. Вероятная укладка нуклеотидной последовательности рибосомной 16S РНК *E. coli* во вторичную структуру (схема двуспиральных участков) (по H. F. Noller et al. Science, 1981, v. 212, p. 403–411; C. R. Woese et al. Nucleic Acids Res., 1980, v. 8, p. 2275–2293; P. Stiegler et al. Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 2153–2172; C. Glotz, R. Brimacombe, Nucleic Acids Res., 1980, v. 8, p. 2377–2395):

спиральные участки пронумерованы цифрами в квадратах; шпильки — цифрами в кругах

химическими реагентами, как глиоксаль и кетоксаль (модификация неспаренного G), бисульфит (модификация неспаренного C), *мета*-хлор-пербензойная кислота (модификация неспаренного A). Такая локализация уже позволяет искать смежные взаимно комплементарные участки вдоль первичной структуры РНК, между ее чувствительными точками.

Далее, возможна прямая локализация спаренных участков цепи. Один из наиболее результативных подходов состоит в том, что после переваривания РНКазой, гидролизующей однотяжевые участки РНК, получающиеся двуспиральные фрагменты разделяются в электрофореze сначала в неденатурирующих условиях (первое направление), а затем в условиях диссоциации двуспиральных комплексов (второе направление); таким образом, каждая полоса первого направления, представляющая собой двойную спираль, разделяется во втором направлении на два пятна, представляющих собой комплементарные тяжи, которые идентифицируются и локализуются на первичной структуре РНК. Таким путем удастся выявить не только смежные (вдоль цепи) комплементарные участки, но и комплементарные взаимодействия между удаленными участками цепи РНК. Другой подход, особенно эффективный в выявлении дальних взаимодействий, состоит в фотоактивируемых сшивках оснований спаренных тяжей в составе структуры РНК с последующей идентификацией сшитых олигонуклеотидов.

Наконец, двуспиральные участки, предсказанные на основании комплементарности смежных или удаленных секций цепи, могут быть подтверждены или отвергнуты путем сравнительного анализа гомологичных РНК. Дело в том, что структуры РНК оказались эволюционно сильно консервативны. Изучение 16S РНК других бактерий и хлоропластов показало большую степень гомологии их первичных структур, наряду, конечно, с многочисленными нуклеотидными заменами. Если, несмотря на эти замены, в другой 16S РНК сохраняется комплементарность между теми же секциями и, соответственно, предсказанные спиральные участки занимают те же положения, то это сильно подтверждает реальность локализации данных спиралей. Совпадение в нескольких различных 16S РНК делает локализацию совсем убедительной.

Итак, совокупность вышеперечисленных экспериментальных и теоретических подходов дала возможность построить модель вторичной структуры 16S РНК *E. coli*, представленную на рис. 42. Почти идентичные модели получены для 16S РНК других бактерий, хлоропластов высших растений и архебактерий. Несмотря на больший размер и гораздо меньшую гомологию последовательности, цепи 18S РНК цитоплазматических 80S рибосом эукариотических организмов могут быть уложены в виде схемы вторичной структуры, очень сходной с таковой 16S РНК бактерий, но 18S содержит добавочные спирали и их группы (рис. 43). Рибосомные РНК уменьшенного размера, а именно 12S РНК митохондрий млекопитающих, также оказались гомологичны бактериальной 16S РНК; основная схема их укладки во вторичную структуру совпадает с таковой 16S РНК

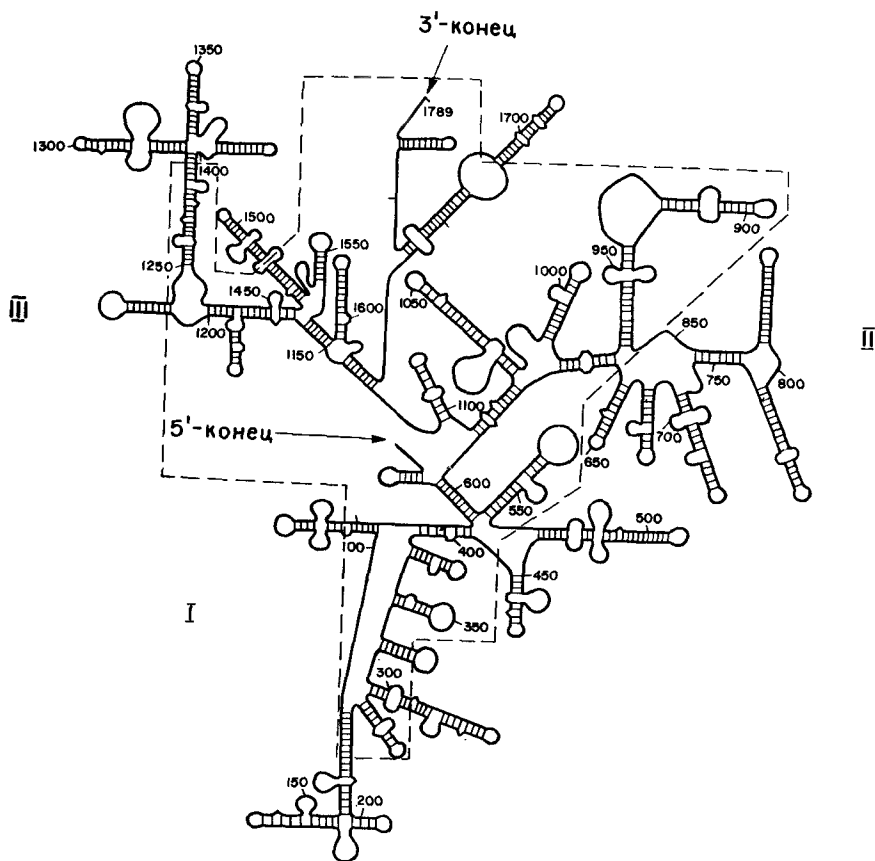


Рис. 43. Схема вероятной вторичной структуры рибосомной 18S РНК дрожжей (по А. С. Манькин и др. Докл. АН СССР, 1981, т. 256, с. 1006–1010; C. Zwieb et al. *Nucleic Acids Res.*, 1981, v. 9, p. 3621–3640). (подобным же образом укладывается 18S РНК животных):

пунктиром обведена консервативная часть, наблюдаемая во всех высокополимерных РНК малой рибосомной субчастицы, включая наиболее редуцированную митохондриальную 12S РНК млекопитающих

бактерий и 18S РНК эукариот, но имеются делеции спиралей и более обширных участков. На рис. 43 пунктиром обведена консервативная часть вторичной структуры высокополимерной РНК малой рибосом-субчастицы, более или менее общая для эукариот, бактерий и мито-хондрий млекопитающих.

Следует указать на следующие главные черты вторичной струк-туры высокополимерной рибосомной РНК, выявляемые на модели для 16S РНК *E. coli* и, по-видимому, являющиеся общими для других случаев.

1. В комплементарном взаимодействии с образованием двуспи-

ральных структур Уотсон—Криковского типа участвует не менее половины всех нуклеотидных остатков цепи.

2. Внутрипочечные двуспиральные участки являются относительно короткими. Длина непрерывных спиралей редко превышает размер одного полного витка, т. е. 10–12 пар нуклеотидов, а средняя длина составляет около 7–8 нуклеотидных пар. Всего в 16S РНК *E. coli*, согласно приведенной схеме вторичной структуры (рис. 42), можно насчитать около 60 спиралей (обозначены номерами в квадратах), т. е. в среднем одна спираль на 25–30 нуклеотидных остатков.

3. Кроме стандартных Уотсон—Криковских пар оснований, а именно G·C и A·U, для спиралей рибосомной РНК оказались характерными пары G·U. В составе спиралей рибосомной РНК, как и в тРНК, изредка могут встречаться пары G·A, а также «противостояния» A·C и U·U. Неканонические пары чаще встречаются в длинных спиральях РНК (в самой длинной спирали 3'-концевого района 16S РНК *E. coli*, состоящей из 22 пар оснований, имеется 7 пар G·U и 3 пары G·A!).

4. В спиральях рибосомной РНК встречаются одно- и динуклеотидные боковые петли (с одного бока); это почти всегда пуриновые нуклеотиды (см., например, G³¹, A⁷⁴⁶, A¹⁴⁴¹, AA^{958–959}). Плоскости оснований таких петель могут ориентироваться перпендикулярно плоскостям оснований спирали (т. е. параллельно оси спирали) и, таким образом, служить гидрофобными площадками для стэкинг-взаимодействия бока спирали с другими участками РНК при формировании третичной структуры. (Встречаются также и более длинные боковые петли—от 3 до 10–14 нуклеотидных остатков; они, однако, будут, скорее всего, формировать собственную структуру, так что такие места, по-видимому, лучше рассматривать как перерывы в спиральях.)

5. Преобладающим типом спиралей являются «шпильки», т. е. спирали, образованные комплементарным взаимодействием смежных участков цепи. Согласно модели (рис. 42), в 16S РНК *E. coli* их насчитывается 27 (обозначены номерами в кружках). К «шпилькам» часто примыкают спиральные участки, отделенные от шпильки лишь коротким некомплементарным участком (последний может представлять собой структуру какого-то иного типа); в целом «шпилька» и примыкающая к ней спираль могут образовывать единую «составную спираль». На модели 16S РНК *E. coli* такие «составные шпильки» образованы спиральями 4 и 5; 10 и 11; 16 и 17; 18 и 19; 20 и 21; 25, 26 и 27; 28, 29, 30 и 31; 32 и 33; 34 и 35; 36 и 37; 43 и 44; 48 и 49; 52 и 53; 54 и 55; 57 и 58; таким образом, «составные шпильки» покрывают значительную часть всей вторичной структуры.

6. Имеется несколько дальних комплементарных взаимодействий, спаривающих отдаленные районы полинуклеотидной цепи. Наиболее важными в общем сворачивании 16S РНК *E. coli* и обособлении ее доменов являются три дальних комплементарных контакта: между участками последовательности 27–37 и 547–556 (спираль 2), между участками 564–570 и 880–886 (спираль 22) и между участками 926–933 и 1384–1391 (спираль 38). Двойные спирали в этих

местах скрепляют начало и конец отрезков полинуклеотидной цепи, образующих обособленные домены структуры РНК (см. ниже). Следует отметить также «менее дальние» комплементарные взаимодействия: между участками 39—47 и 394—403 (спираль 3), между участками 576—580 и 761—765 (спираль 23) и между участками 946—953 и 1228—1235 (спираль 40); здесь также образуются важные двойные спирали, стабилизирующие сворачивание РНК в доменную структуру.

16S РНК содержит несколько посттранскрипционно модифицированных (минорных) нуклеотидных остатков (см. рис. 14), и почти все они локализуются именно в неспаренных участках цепи, в основном в 3'-концевой трети молекулы. В 16S РНК *E. coli* имеются m^6A (два заблокированных остатка в петле 3'-концевой шпильки, положения 1518—1519), m^7G (один остаток, положение 527), m^2G (два остатка, положения 966 и 1207), m^5C (два остатка, положения 967 и 1407), m^4Cm (один остаток, положение 1402) и mU (положение 1498). Многие из этих минорных остатков эволюционно консервативны и наблюдаются у других бактерий. Интересно, что 3'-концевая шпилька, включающая спираль из 10 пар нуклеотидов, оказывается инвариантной для известных 16S и 18S РНК, и два заблокированных m^6A в торцевой петле шпильки также обязательно присутствуют как у прокариот, так и у эукариот.

Модифицированным остатком, а также нуклеотидным петлям спиралей приписывают важную роль в организации участков молекулы, узнаваемых белками, и в участии в функциональных центрах рибосомы.

23S (28S) РНК

Первичная структура рибосомной 23S РНК *E. coli* также была установлена как ее прямым химико-энзиматическим анализом, так и путем секвенирования ДНК ее клонированного гена (рис. 44). Одновременно и некоторое время спустя были секвенированы также высокополимерные РНК большой рибосомной субчастицы ряда других организмов, а также хлоропластов и митохондрий, которые дали материал для сравнительно-эволюционного анализа. Весь арсенал методов, примененный в случае 16S РНК, был использован для изучения вторичной структуры 23S РНК, и были найдены принципиально те же закономерности и особенности. Схема модели вторичной структуры 23S РНК *E. coli* дана на рис. 45. Как и в 16S РНК, около половины или более остатков цепи 23S РНК оказываются вовлеченными в двойные спирали. Всего можно насчитать несколько более 100 индивидуальных спиралей. Наиболее ярким отличием от 16S РНК является, по-видимому, комплементарное спаривание 5'-конца 23S РНК с ее 3'-концом; довольно стабильная совершенная двойная спираль из 8 пар нуклеотидов удерживает оба конца вместе, в значительной мере фиксируя общую свернутость цепи в конечную компактную структуру. Как и в 16S РНК, пары $G \cdot U$ не редкость в спиральных 23S РНК. Кроме того, в спиральных имеются пары $G \cdot A$ и,

GSUUUAGCGACUUAAGCGUACACGUGUAUGCCUUGCGAGUCAGACGCGCAUUAAGGACGUGCUAAUCUGCGAUAAAGCGUGGUAAGGUAUUAAGAACCUU
 50 100
 AUUAACCGGCGAUUUUCGGAUUGGGAAACCCAGSURUGUUUCGACACACUAUUAUCASUAUCCUUAAGGUUAUAGAGGCGAACCGGGGGAACUGAAACAU
 150 200
 CUUAAGUACCCCGAGGAAAAAGAAUUAACCGAGAUUCCCCAGUAGCGCGAGCGAACCGGGAGCAGCCCCAGAGCCUGAAUACAGUGUGUGUUAUGUGSAA
 250 300
 GGSUCUGGAAAGGCGCGCAUACAGGUGACAGCCCCGUACACAAAALUGCACAUGCUGSAGCUCGUAUGUAAGGCGGGACACUGGUUAUCCUGUCUG
 350 400
 AAUAUGGGGGGACCUCCUCCAAAGGCUAAAUUACUUCUGACGCGGAUAGUGAACAGUACCGUGAGGGGAAAGCGAAAAGAACCCCGCGAGGGGAGUG
 450 500
 AAAAAGAACCUAAACCGUGUACGUACAGCAGUGGGAGCACGCUUAGCGGUGUGACUGCGUACCUUUUGUAUUAUGGUGCAGCGACUUAUUAUUCUGUAG
 550 600
 CAAGGUUAACCGAUAUGGGGAGCCGAAAGGAAACCGAGUCUUAACUGGCGUUAAGUUGCAGGGSUUAAGACCCGAAACCCGUGUACUUAUGCCAUUGGGCAG
 650 700
 GUUGAAGGUUGGUUAACACUUAACUGGAGGACCGAACCGACUUAUUG+TGAATAAAUUAAGCGGAUACUUGGUGGGGUGAAAGGCCAAUCAAACCGGGA
 750 800
 GAUAGCUGGUUCCUCCGAAAGCUAUAUUAAGGUAUGCGCCUUGUGAAUUAUUCUGGGGUAAGACACUGUUUUGGCAAGGGGGUACUCCGACUUAACAA
 850 900
 CCGAUGCGAAACUGGAAUACCGGAGAAUGUUAUACCGGAGACACACGGCGGGUUGUAUACGUCGUGUGAAGAGGGAACCAACCCAGACGCCAGCUA
 950 1000
 AGGUCCCAAAGUACUGGUUAAGUGGAAACGAUGUGGGAAGGCCAGACAGCCAGSAGUUGGCUUAAGAGCAGCCAUUAUUAAGAAAGCGUUAUAGC
 1050 1100
 UCACUGGUGAGUGCGGCCUGCGCGGAAGUGUAACGGGGCUAAACCAUGCACCAGACUGCGGCAGCGACGCUUAUGCGUUGUGGGUAGGGGAGCGUUC
 1150 1200
 UGUAAAGCCUGGAAAGGUGUGUGUGAGGCAUGUGGAGGUUAUGAAGUGCGAAUUGUGACUAAGUAACGAUAAAGCGGGUAAAAGCCGCUUGCGCGG
 1250 1300
 AAGACCAAGGGUUCUGUCCAACGUUAUUAUGGGGCGAGGUGAGUGACCCCUUAAGGCGAGCGAAAGGCGUAGUGCAUGGGAAACAGGUUAUUAUCCU
 1350 1400
 GUACUUGUGUUAUCGCGAAGGGGGACGGAAGGCUAUGUGGCGGGGACCGGUUGUCCCGUUAUAGCGUGUAGGCGUGUUUCCAGGCAAUUCG
 1450 1500
 GAAAUUAAGGCGAGGCGUGAUGACGAGGACUACGGUGCUAAGCAACAAUGCCUGUCCAGGAAAGCCUUAAGCAUACGUAACAUCAAUAC
 1550 1600
 GUACCCCAAAACGACACAGGUGUACAGUAGAGAUAUACCAAGCGCUUAGAGAGAACUCGGUGAAGGAACUAGGCAAAAGUUECCGUAAACUUCGGGAGA
 1650 1700
 AGGCACGUGUAUUAUGUGAGUGAGUCCUUGCGGAGUGAGGUGAUAUACUGUAGGUAAGUACCGAGGUGGUGAACUUGUUAUAAAAACAGCACUGUGC
 1750 1800
 AAACACGAAAGUGGACGUUAUCGUGUAGCGCUGCCCGUGCGGAAGGUUAUUAUGAUGGGGUUAGCGCAAGCGAAGCUCUUAUGCAAGGCCCGGUUA
 1850 1900
 ACGCGGCGCG+AAUUA+ACGGUCCUUAAGGUAGCGAAATUCCUUGUGCGGUUAGUUCGACCGUGCAGGAAUGGCGUUAUGUGCCAGGCGUUCUACC
 1950 2000
 CGAGACUCAGUAAAUUAAGUACUGUGAAGAUAGCAGUUAACCGCGCGAGCGGAAGAACCCCGUGAACCCTUUUACUUAAGCUUAGACACUGAACAUUG
 2050 2100
 AGCCUUAUGUGUAGGAUAGGUGGGAGGCUUUAAGUGUGGACGCGAGUUCUGUAGGAGCCGACCUUUAAGAAUACCAACCCUUAUUAUGUUGUUGUUAAC
 2150 2200
 GUUGACCCGUAAUCCGGUUGCGGACAGUGUCUGUGGGUAGUUAUGACUGGGGCGUUCUCCUUAAGAGUAACGAGGAGGACGAAGGUGGCUUAUUC
 2250 2300
 CUGUGCGACAUACAGGAGGUUAGUGCAUUGGCAUUAAGCCAGCUUAGCUGCGAGCGUGAGCGGCGAGCGAGGUGCGAAAGCAGGCUAUGUAGUCCGUGG
 2350 2400
 UUCUGAAUGGAAGGGCCAUUGCUAACGGAUAAAGGUUACUCCGGGGAUUAACAGGCGUGUACCGGCCCAAGAGUUAUUAUACGACGCGGUGUUGGCAACCU
 2450 2500

Рис. 44. Продолжение

```

CGAUGUCGSCUCAACACAUCCUGGGGUGAAGUAGGUCCCAAGGGUAGGCGUGUUCGCCAUUUAAAGUGGUACGCGAGCUGGGUUUAGAACGUCGUGAGA
2550 2600

CAGUUCGGUCCUUAUCUCCGUGGGCGUGGAGAACUAGAGGGGGGUGUCCUAGUACGAGAGGACCGGAGUGGACGCAUCAGUGGUUGCGGUGUACA
2650 2700

UGCCAAUGGCACUGCCCGGUGAGCUAAAUUGCGGAAGAGAUAGUGUGAAAGCAUCUAAAGCACGAAACUUGCCCCGAGAGAGUUCUCCUGACCCUUUAA
2750 2800

GGGUCUGAAGGAACGUUGAAGACGACGACGUUGAUAGGCCGGGUGUGUAAAGCGCAGCGAUGCGUUGAGCUAACCGGUACUAAUGAACCGUGAGGCUUAA
2850 2900

CCUU

```

Рис. 44. Нуклеотидная последовательность рибосомной 23S РНК *E. coli* (по J. Brosius et al. Proc Nat. Acad. Sci. U. S. A., 1980, v. 77, p. 201–204; C. Branlant et al. Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 4303–4324)

более редко, некоторые другие неканонические пары. В спиралях встречаются одно- и динуклеотидные боковые петли, чаще всего с А (но бывают и другие).

В качестве посттранскрипционно модифицированных (минорных) нуклеотидов 23S РНК *E. coli* имеет Ψ (3 остатка), Т (2 остатка), m⁶А (2 остатка), m¹G, m⁷G, Gm, Cm и неидентифицированные производные U. Часть их заблокирована, как например, в последовательностях 745–747 (m¹GΨТ) и 1911–1917 (ΨААСU*АΨ), а часть рассеяна, но почти исключительно (кроме одного Ψ и одного Т) в однотяжевых районах.

Как и в случае малых высокополимерных РНК, эукариотические 26S–28S РНК оказываются гомологичными, особенно по вторичной структуре, бактериальной 23S РНК, но имеют ряд крупных вставок. В 28S РНК млекопитающих, которая на 1500 нуклеотидов длиннее 26S РНК дрожжей, характерной чертой является существование ряда G + C-богатых сегментов, по-видимому, сильно структурированных и вставленных в эволюционно консервативные участки; иногда они образуют очень длинные спирали. Наиболее принципиальным отличием эукариотических рибосомных РНК большой субчастицы является существование 5'-концевого 160-нуклеотидного фрагмента в виде отдельной цепи 5,8S РНК (рис. 46). Однако эукариотическая 5,8S РНК так тесно встроена в структуру 28S РНК, будучи спарена с ней в стабильные спирали, по-видимому, в трех местах, что говорить о ней как о структурно самостоятельной молекуле не приходится. Действительно, 5,8S РНК образует сама и с 28S РНК вторичную структуру, подобную той, что выводится для ковалентно-непрерывной 5'-концевой части бактериальной 23S РНК (см. раздел 4 этой главы).

5S РНК

Полные первичные структуры 5S РНК как прокариот (*E. coli*), так и эукариот (человек) были определены задолго до работ по структуре высокополимерных рибосомных РНК, еще в 1967 г. (в группах Ф. Сэнгера и С. М. Вейсмана, соответственно). С тех пор стали известны многие десятки первичных структур 5S РНК из рибосом

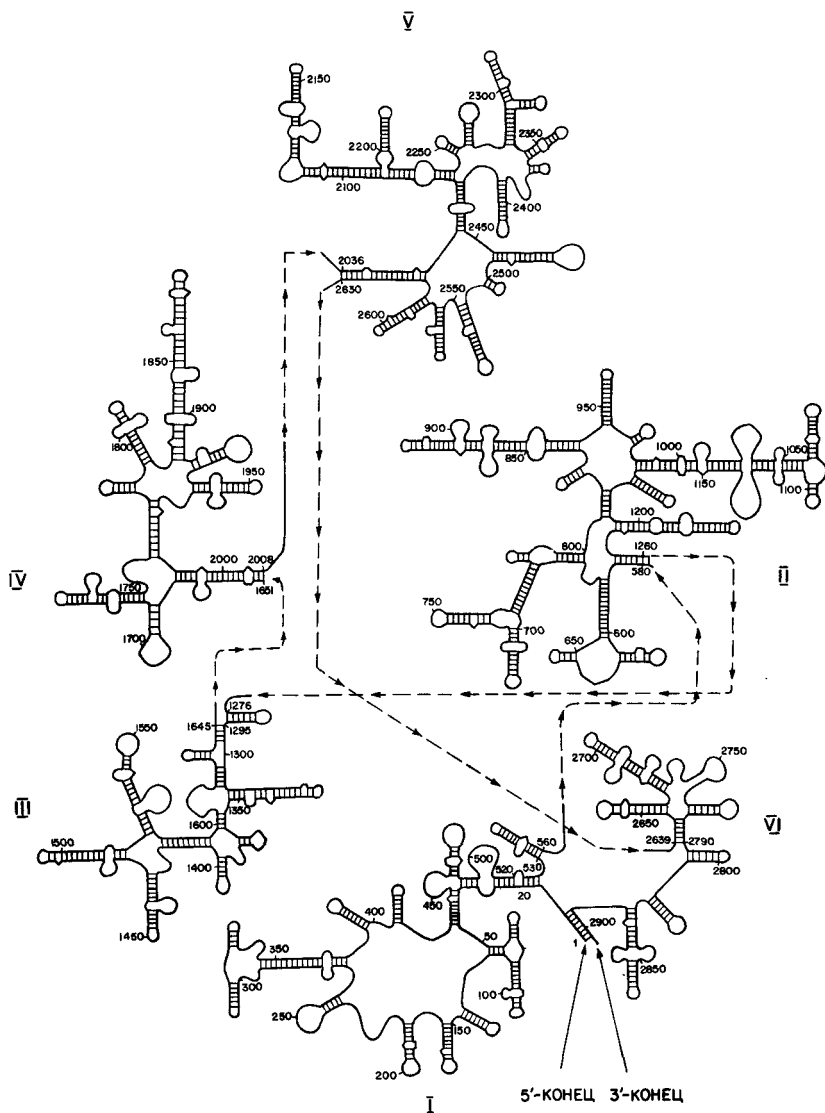


Рис. 45. Схема вероятной вторичной структуры рибосомной 23S РНК *Escherichia coli* (по C. Branlant et al. Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 4303-4324; C. Glotz et al. Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 3287-3306; H. F. Noller, et al., Nucleic Acids Res., v. 9, p. 6167-6189)

23S РНК разделена на шесть доменов, обозначенных римскими цифрами

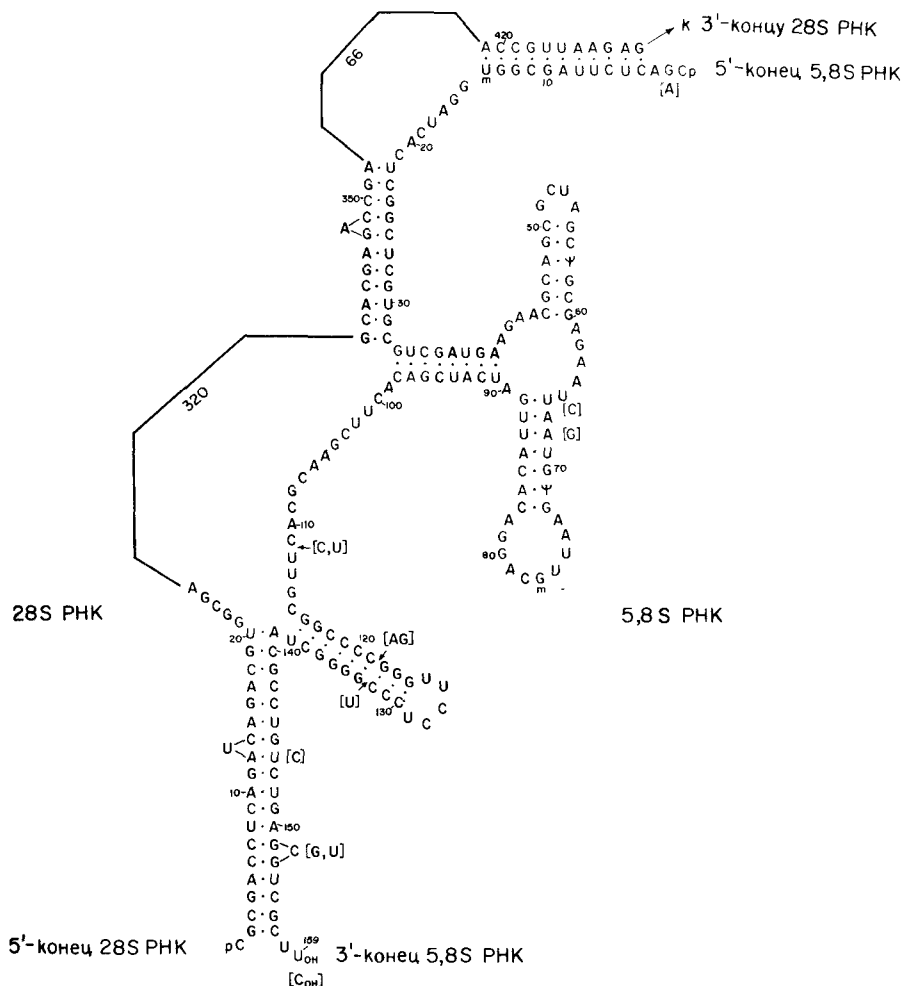


Рис. 46. Нуклеотидная последовательность и схема вероятной вторичной структуры рибосомной 5,8S РНК эукариот (животных): за основу взята последовательность 5,8S РНК млекопитающих (по R. N. Nazar et al. J. Biol. Chem., 1975, v. 250, p. 8591–8597); в скобках даны замены или вставки нуклеотидов, которые могут наблюдаться в 5,8S РНК других таксонов животных — птиц, рептилий, земноводных или рыб (V. A. Erdmann, Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. r25–r42); показано возможное комплементарное спаривание 5,8S РНК с 5'-концевым доменом рибосомной 28S РНК мыши (по T. A. Walker et al. J. Biol. Chem., 1983, v. 258, p. 333–338)

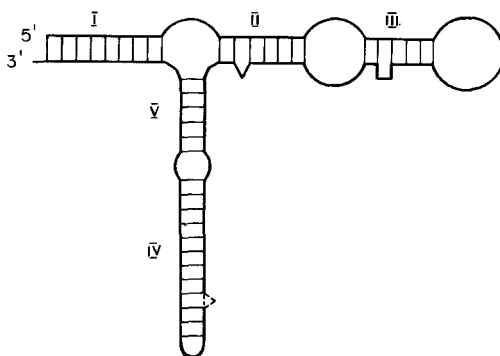


Рис. 47. Обобщенная схема вторичной структуры рибосомной 5S РНК: пять спиральных участков молекулы 5S РНК обозначены римскими цифрами

самых различных организмов. Это позволило проводить их сравнение как для выявления путей молекулярной эволюции и филогенетического родства таксонов; так и для проверки предсказываемых вторичных структур на основе гомологичных замен нуклеотидов.

5S РНК, как правило, не содержит посттранскрипционно модифицированных (минорных) нуклеотидов. Однако у ряда видов дрожжей, а также у эвглены, имеется Ψ . В очень редких случаях отмечаются другие минорные нуклеотиды — например, модифицированный С у архебактерии *Sulfolobus acidocaldarius*.

Из сравнения нуклеотидных последовательностей 5S РНК различных таксонов особенно хорошо видно, насколько эволюционно консервативны рибосомные РНК. Так, человеческая 5S РНК отличается от 5S РНК рептилий всего 2—3 нуклеотидными остатками, а от 5S РНК лягушек — 7—8 остатками. 5S РНК ржи отличается от таковой томата всего 2, а от 5S РНК фасоли — 5 нуклеотидными остатками. Столь же близки между собой 5S РНК различных видов бацилл. Идентичны или содержат единичные нуклеотидные замены 5S РНК грамотрицательных бактерий, относящихся к кишечной группе и примыкающим родам (*Escherichia*, *Salmonella*, *Aerobacter*, *Erwinia*, *Serratia*, *Proteus*, *Photobacter* и др.).

Одновременно с определением первичных структур 5S РНК делались многочисленные попытки предсказать ее вторичную структуру. Тестирование одנותяжевых участков с помощью нуклеаз и химических агентов, модифицирующих неспаренные основания, давало экспериментальную основу для этих попыток. Но решающим здесь все-таки следует признать сравнительный подход, основанный на укладке многочисленных известных первичных структур 5S РНК в однотипные вторичные структуры. Действительно, все известные первичные структуры 5S РНК можно уложить за счет самокомплементарности их участков по схеме, показанной на рис. 47 (схема обобщает принципиально похожие модели вторичной структуры, предложенные рядом авторов). На рис. 48 даны конкретные первичные и вероятные (предсказанные) вторичные структуры 5S РНК шести представителей главных царств (эволюционных ветвей) живого мира — грамотрицательных бактерий (*E. coli*) (а), грамположительных бактерий (*Bacillus subtilis*) (б), метабактерий, или архебактерий (*Sulfolobus acidocaldarius*) (в), растений (*Secale cereale*) (г), грибов (*Saccharomyces cerevisiae*) (д) и животных (*Homo sapiens*) (е).

Прежде всего, в 5S РНК 5'-концевой участок цепи комплементарен 3'-концевому участку и образует с ним прочную длинную двойную спираль из 9—11 пар нуклеотидов (спираль I). Вся внутренняя нуклеотидная последовательность укладывается в две составные шпильки. Одна составная шпилька четко разделяется на два двуспиральных участка — собственно шпильку из 6 пар нуклеотидов с большой торцевой петлей из 11—13 остатков в районе 40-го нуклеотида (спираль III) и двуспиральный участок из 7—8 нуклеотидных пар (спираль II), соединенный с предыдущей спиралью некомплементарным районом. Другая составная шпилька с маленькой торцевой петлей из 2—4 нуклеотидных остатков представляет собой почти непрерывную двойную спираль, но, как правило, содержащую несколько дефектов, таких как неканонические пары, выпетливающиеся нуклеотидные остатки и, часто, неспаренные нуклеотиды в середине; поэтому она обычно может быть разбита на две подспирали (спираль IV и спираль V).

Общие особенности вторичной структуры 5S РНК те же, что были отмечены для высокополимерных РНК (см. раздел Б. II, 3). Особо следует подчеркнуть встречаемость таких неканонических пар, как G·U и G·A. Кроме того, во всех внутренних спиралях (II—V) часто встречаются однонуклеотидные и двунуклеотидные боковые петли; в большинстве случаев выпетливаются А, но бывают и другие остатки.

Из данных по доступности нуклеазам и химическим реагентам следует, что большая торцевая петля спирали III и неспаренный район между спиралями II и III, а также «плохо спаренные» остатки составной спирали IV—V, не просто развернуты, а довольно сильно структурированы; предполагается их участие в организации третичной структуры 5S РНК, которая пока не известна.

Интересно, что торцевые и боковые петли часто характеризуются более консервативной первичной структурой, чем спиральные участки. Большая торцевая петля спиральной шпильки III содержит полуинвариантную последовательность:



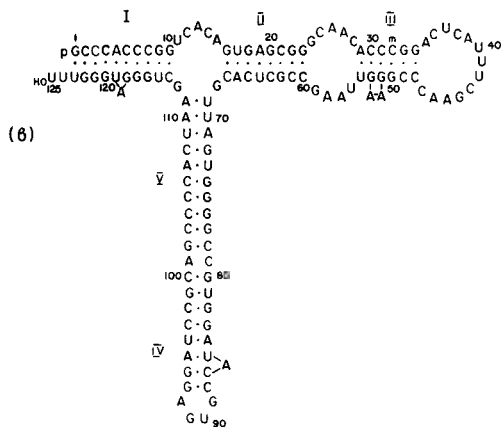
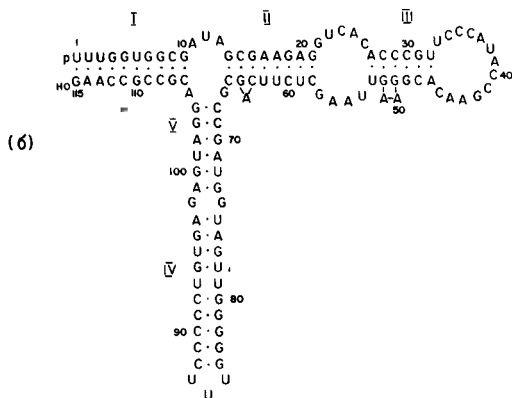
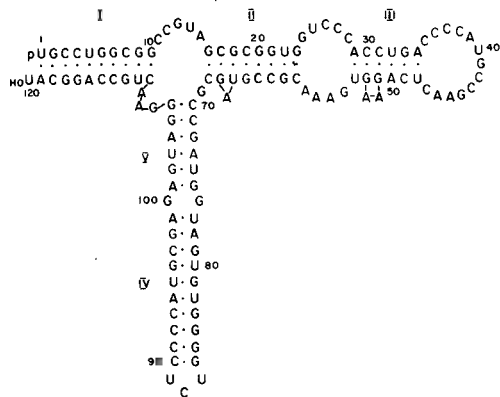
непосредственно примыкающую к спиральному участку (у всех прокариот она CCGAAC, у растений CAGAAC, у грибов CCGAUC, а у позвоночных животных CUGAUC). Ее тетра нуклеотидная часть $\text{GA}^{\text{U}}_{\text{A}}\text{C}$, примыкающая к спирали, недоступна нуклеазам, т. е. по-видимому, структурирована. Через четыре остатка от нее по направлению к 3'-концу имеется полуинвариантная двунуклеотидная боковая петля — чаще всего AA, но у грибов UA, ΨA или CA (CA также у некоторых высших растений). Характерно, что эта петля всегда фланкирована двумя G, которые спарены в противоположном тяже с двумя смежными C, обеспечивая, по-видимому, скрепление двойной спирали в месте петли. Далее через три остатка по направлению к 3'-концу всегда присутствует еще инвариантный дуплет AA, теперь уже в неспиральном районе, между спиралями II и III.

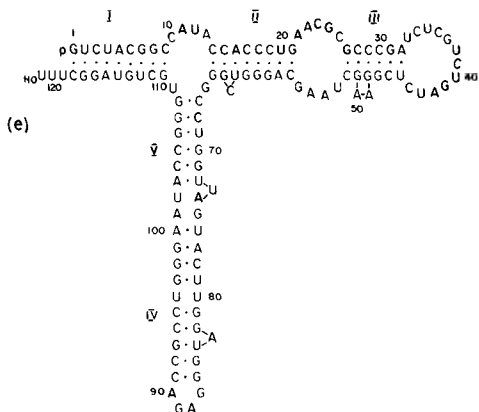
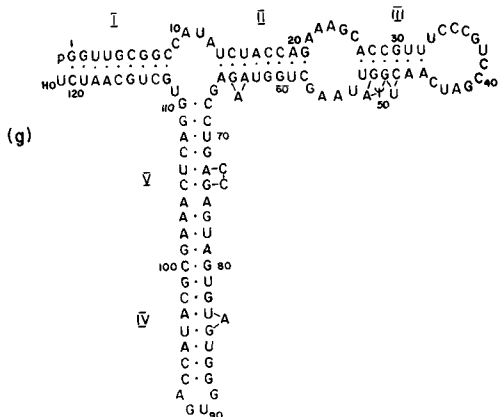
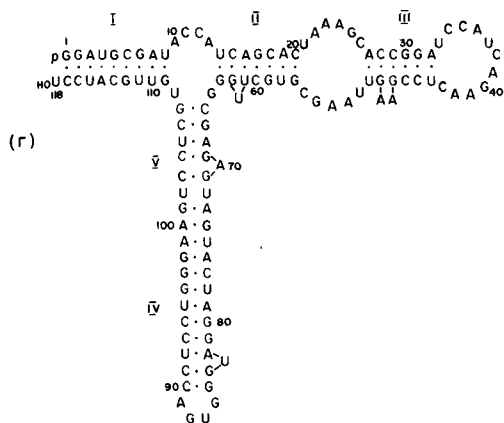
В спирали II, в ее 3'-тяже, почти всегда имеется инвариантная однонуклеотидная боковая петля — у прокариот и грибов, как правило, А (у архебактерий может отсутствовать), у растений — U, у животных — C; за ней всегда следует G, спаренный с C противоположной цепи.

4. СТРУКТУРНЫЕ ДОМЕНЫ И КОМПАКТНАЯ САМОУКЛАДКА МОЛЕКУЛ РНК

Прочное спаривание 5'- и 3'-концевых участков цепи является, по-видимому, характерным свойством стабильных структур РНК. Образование такой черешковой спирали завершает сворачивание пространственной структуры и **фиксирует** ее. В принципе фиксация концов должна неизбежно приводить к стабилизации внутренних спиралей и других типов укладки. Замыкание концов друг на друга вносит еще и дополнительный вклад в компактизацию структуры.

тРНК являются первым известным примером такой организации. Из предыдущего раздела видно, что рибосомные 5S РНК тоже имеют прочную черешковую спираль, образованную 5'- и 3'-концами ее цепи и, очевидно, фиксирующую ее общую укладку. В высокополимерных рибосомных РНК существование прочной (совершенной и достаточно длинной) спирали, образованной удаленными





участками цепи, может служить верным признаком относительно независимой, компактно свернутой структуры участка цепи между ними. Такие самозавершенные структурные *домены*, с прочным спариванием их 5'- и 3'-концов, являются важнейшим конформационным мотивом обоих высокополимерных рибосомных РНК.

16S (18S) РНК

Молекула как 16S РНК прокариот, так и 18S РНК эукариот может быть подразделена на 3 главных домена: 5'-концевой (домен I), ограниченный и скрепленный черешковой спиралью из 10—11 нуклеотидных пар (спираль 2, образованная последовательностями 27—37 и 547—556 в случае 16S РНК *E. coli*, см. рис. 42); срединный (домен II), имеющий черешок из 7 нуклеотидных пар (спираль 22, образованная последовательностями 564—570 и 880—886 у *E. coli*); 3'-проксимальный (домен III), ограничен-

Рис. 48. Нуклеотидные последовательности рибосомных 5S РНК (V. A. Erdmann, *Nucleic Acids Res.*, 1981, v. 9, p. r25—r42) и их вероятная укладка во вторичные структуры у представителей шести главных ветвей эволюции:

a — граммотрицательная бактерия (*Escherichia coli*); *б* — грамположительная бактерия (*Bacillus subtilis*); *в* — архебактерия (*Sulfolobus acidocaldarius*); *г* — растение (рожь, *Secale cereale*); *д* — гриб (дрожжи, *Saccharomyces cerevisiae*); *е* — животное (человек, *Homo sapiens*). Двухспиральные участки пронумерованы римскими цифрами

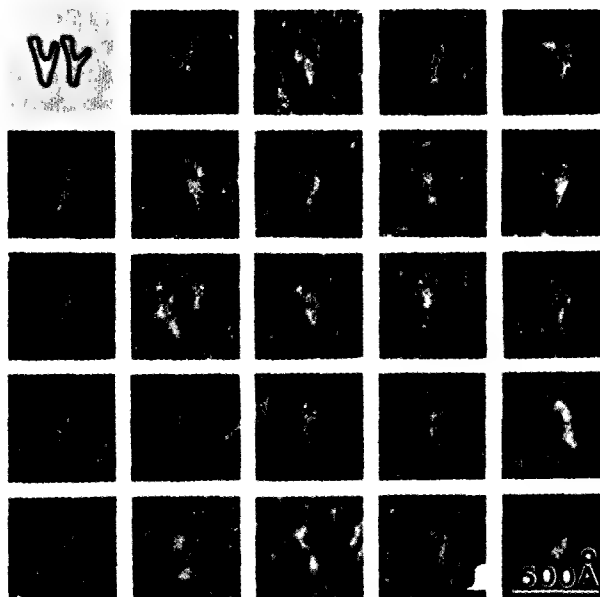


Рис. 49. Электронные микрофотографии индивидуальных молекул изолированной рибосомной 16S РНК *E. coli* в компактной форме и их Y-образные контуры (слева вверху) (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино):

РНК высушена из замороженного состояния и контрастирована путем оттенения металлом (как описано в подписи к рис. 33)

ный черешком из 7–8 нуклеотидных пар (спираль 38, образованная последовательностями 926–933 и 1384–1391 у *E. coli*). Внутри домена I можно выделить субдомен, ограниченный спиралью из 6–9 нуклеотидных пар (спираль 3, образованная последовательностями 39–47 и 394–403 у *E. coli*). Точно так же в домене II имеется субдомен, ограниченный своим черешком (спираль 23, последовательности 576–580 и 761–765 у *E. coli*). В домене III тоже выделяется субдомен с черешком из 8–10 нуклеотидных пар (спираль 40, образованная последовательностями 946–953 и 1228–1235 у *E. coli*). Интересно, что указанные субдомены внутри доменов имеют тенденцию захватывать 5'-концевую часть соответствующего домена; не исключено, что это является правилом, облегчающим сворачивание РНК с 5'-конца: возможно, субдомен — компактное ядро, на которое затем уже наворачивается последующая структура домена. Сама 3'-концевая последовательность 16S или 18S РНК длиной более 150 нуклеотидных остатков не входит в состав перечисленных доменов, но тоже сильно структурирована (иногда обозначается как дополнительный домен IV); главный элемент ее структуры — относительно длинные и стабильные двуспиральные участки (3'-концевая универсальная шпилька из 10 пар нуклеотидов и очень длинная составная шпилька, включающая около 30 пар нуклеотидов).

Электронная микроскопия изолированной 16S РНК в условиях, когда она компактно сложена (присутствие достаточного количества Mg^{2+} , спермидина и т. п.), позволяет, по-видимому, разрешить указанные 3 главных структурных домена. Эта РНК видна как Y-образная структура, с неравными ветвями (рис. 49). Другими словами, видны три компактные лопасти или доли, исходящие из центра. Если сравнить размеры и общую морфологию Y-образной РНК с таковыми рибосомной 30S субчастицы, то можно видеть, что она хорошо вписывается в последнюю (рис. 50). Тогда, зная локализацию обоих концов 16S РНК на 30S субчастице и локализацию ряда рибосомных белков на первичной структуре 16S РНК и на поверхности 30S субчастицы (см. следующую главу), можно идентифицировать видимые ветви, или доли, Y-образной РНК с ее тремя структурными доменами, выводимыми из первичной и вторичной структуры. По-видимому, нижняя ветвь буквы Y представляет собой 5'-концевой домен I, формирующий «тело» 30S субчастицы. Верхняя длинная ветвь Y-образной РНК является, скорее всего, 3'-проксимальным доменом III, входящим в состав «головки» 30S субчастицы. Верхняя короткая ветвь Y может быть срединным доменом II и участвовать в образовании боковой лопасти («платформы») 30S субчастицы. Согласно прямой иммуно-электронно-микроскопической локализации 3'-конец 16S РНК занимает место где-то между «головкой» и верхушкой боковой лопасти, т. е., по-видимому, между концами верхних ветвей Y-образной РНК.

Поразительным является тот факт, что общая форма изолированной РНК в компактном состоянии оказалась специфической и напоминающей форму исходной 30S субчастицы (или, по крайней мере, вписывающейся в нее). Это говорит о том, что, во-первых, цепь рибосомной РНК сама, без белков, способна не только образовывать локальные вторичные структуры, но и укладываться в целом, задавая морфологически уникальную конформацию всей молекулы; во-вторых, именно эта самоупкладка рибосомной РНК прежде всего определяет размеры, общую форму и ряд главных морфологических черт рибосомной субчастицы.

23S (28S) РНК

Цепь рибосомной 23S (28S) РНК складывается в 6 (или 7) структурных доменов, ограниченных, как и в предыдущем случае, черешко-

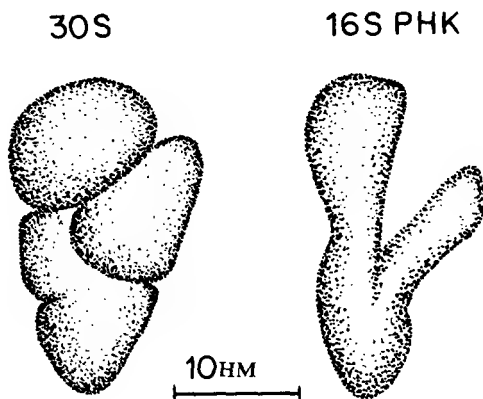


Рис. 50. Сравнение контуров рибосомной 30S субчастицы и ее изолированной 16S РНК в компактной форме по данным электронной микроскопии

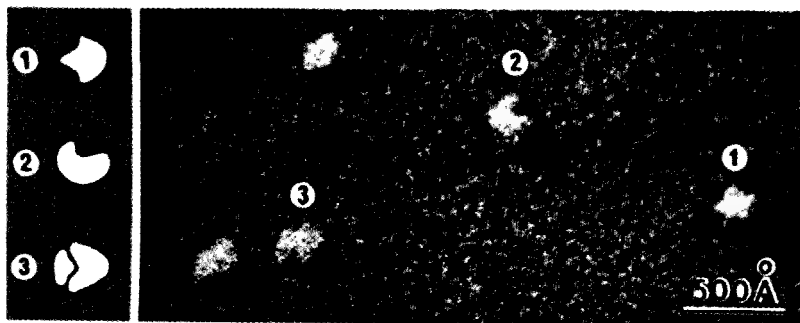


Рис. 51. Электронная микрофотография молекул изолированной рибосомной 23S РНК *E. coli* в компактной форме и их контуры (слева) (предоставлена В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино):

три различных проекции пронумерованы цифрами 1, 2 и 3. РНК высушена из замороженного состояния и контрастирована путем оттенения металлом (как описано в подписи к рис. 33)

выми спиралями, образуемыми парным взаимодействием удаленных участков цепи (см. рис. 45).

В прокариотических 23S РНК домен I образован 5'-концевой последовательностью приблизительно из 500 нуклеотидных остатков. В эукариотических 28S РНК домен I образуется при взаимодействии с 5,8S РНК, представляющей собой, как уже отмечалось выше, гомолог 160-нуклеотидной 5'-концевой последовательности прокариотических 23S РНК. В последнем случае 3'-концевая последовательность 5,8S РНК прочно спаривается на большом протяжении (15–17 нуклеотидных пар) с 5'-концевой последовательностью 28S РНК,

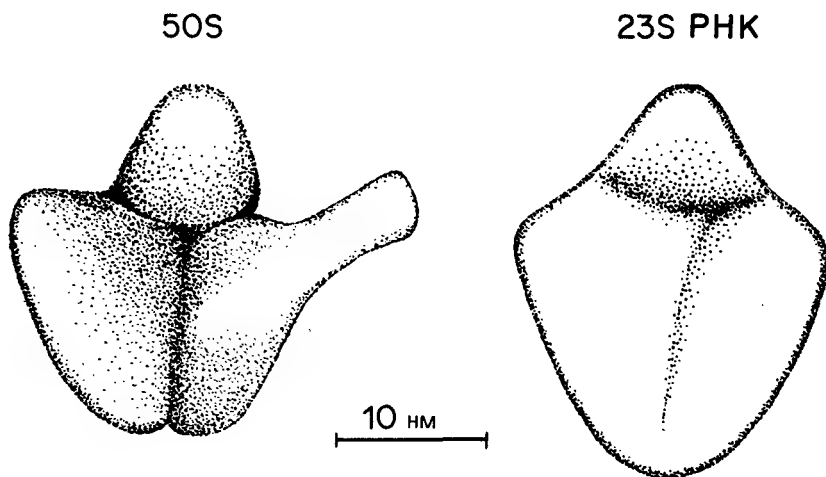


Рис. 52. Сравнение контуров рибосомной 50S субчастицы и ее изолированной 23S РНК в компактной форме, по данным электронной микроскопии

обеспечивая как бы их сращивание (см. рис. 46); с другой стороны, 5'-проксимальная (в районе 20—30 нуклеотидного остатка) последовательность 5,8S РНК, по-видимому, спаривается с внутренним участком цепи 28S РНК, образуя черешок домена I.

Как и в случае 16S (18S) РНК, довольно протяженная 3'-концевая последовательность 23S (28S) РНК не входит в состав главных доменов, а лишь образует несколько спиральных шпильек. В 23S РНК бактерий 110-нуклеотидная 3'-концевая последовательность сложена в три шпильки (две простые и одна составная из двух спиралей, разделенных неспаренным участком, см. рис. 45). В рибосомах хлоропластов высших растений 100-нуклеотидная 3'-концевая последовательность в цепи 23S РНК отсутствует и представлена в виде отдельной цепочки 4,5S РНК. 4,5S РНК складывается в две шпильки (одна простая и одна составная из двух спиралей), гомологичные (даже почти идентичные) 3'-концевым шпилькам 23S РНК бактерий.

Уже отмечалось выше (раздел 3 этой главы), что в 23S РНК бактерий самый 5'-конец цепи спарен с ее 3'-концом (совершенная стабильная спираль из 8 нуклеотидных пар). Соответственно, в рибосомах хлоропластов высших растений 5'-конец 23S РНК спарен в такую же спираль с 3'-концом 4,5S РНК. В рибосомах эукариотических организмов 3'-конец высокомолекулярной 28S РНК, по-видимому, спарен с самым 5'-концом 5,8S РНК.

Замыкание 3'-конца 23S РНК на ее 5'-конец должно отражать, скорее всего, некую общую компактную свернутость всей молекулы и фиксировать эту свернутость. Электронно-микроскопическое изучение изолированной 23S РНК *E. coli* в ионных условиях, обеспечивающих ее компактность, действительно обнаружило, что ее форма резко отличается от таковой 16S РНК (где нет спаривания 5'-конца с 3'-концом) в тех же условиях: молекула 23S РНК оказывается гораздо более округлой, имея лишь незначительные выступы (рис. 51). И опять поразительный факт: контуры изолированной 23S РНК напоминают контуры исходной 50S субчастицы, лишь с сильно редуцированными протуберанцами (рис. 52). Хочется еще раз повторить, что, по-видимому, цепь рибосомной РНК самоукладывается специфически, и что общая морфология рибосомной субчастицы детерминирована прежде всего ее РНК.

Рекомендуемая литература

Итоги науки и техники. — М.: ВИНТИ. Сер. биол. химия, 1981. Т. 15. С. 38—115; 175—233.

Молекулы и клетки: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1967. С. 22—36.

Нуклеиновые кислоты: Пер. с англ./Под ред. А. Н. Белозерского. М.: Мир, 1965. С. 341—388.

Спирин А. С. Некоторые проблемы макромолекулярной структуры рибонуклеиновых кислот. М.: Изд-во АН СССР, 1963.

Спирин А. С., Гаврилова Л. П. Рибосома. М.: Наука, 1971.

Богданов А. А. О роли РНК в организации структуры рибосом *E. coli*. — Молекул. биол., 1978. Т. 12. С. 725—735.

Манькин А. С., Копылов А. М., Рубцов П. М., Скрабин К. Г. Модель вторичной

- структуры 18S рРНК рибосом эукариот. — Докл. АН СССР, 1981. Т. 256. С. 1006—1010.
- Bosch L., ed. The Mechanism of Protein Synthesis and Its Regulation. Amsterdam-London: North-Holland, 1972, p. 353—394.*
- Chambliss G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 3—49; 333—355.*
- Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1976, v. 18, p. 1—90; 1983, v. 28, p. 1—48; 177—209.*
- Nomura M., Tissières A., Lengyel P., eds. Ribosomes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 141—191; 829—839.*
- Erdmann V. A. Collection of published 5S and 5.8S RNA sequences and their precursors. — Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. r25—r42.*
- Fox G. E., Woese C. R. 5S RNA secondary structure. — Nature, 1975, v. 256, p. 505—507.*
- Georgiev O. I., Nikolaev N., Hajiolov A. A. et al. The structure of the yeast ribosomal RNA genes. 4. Complete sequence of the 25S rRNA gene from *Saccharomyces cerevisiae*. — Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 6953—6958.*
- Hori H. Molecular evolution of 5S RNA. — Molec. Gen. Genet., 1976, v. 145, p. 119—123.*
- Loening U. E. Molecular weights of ribosomal RNA in relation to evolution. — J. Mol. Biol., 1968, v. 38, p. 355—365.*
- Mankin A. S., Kopylov A. M. A secondary structure model for mitochondrial 12S RNA: an example of economy in rRNA structure. — Biochem. Int., 1981, v. 3, p. 587—593.*
- Nishikawa K., Takemura S. Nucleotide sequence of 5S RNA from *Torulopsis utilis*. — FEBS Lett., 1974, v. 40, p. 106—109.*
- Serdyuk I. N., Agalarov S. Ch., Sedelnikova S. E. et al. On the shape and compactness of the isolated ribosomal 16S RNA and its complexes with ribosomal proteins. — J. Mol. Biol., 1983, v. 169, p. 409—425.*
- Stiegler P., Carbon P., Ebel J.-P., Ehresmann C. A. general secondary-structure model for procaryotic and eucaryotic RNAs of the small ribosomal subunits. — Eur. J. Biochem., 1981, v. 120, p. 487—495.*
- Veldman G. M., Klootwijk J., de Regt V. C. H. F. et al. The primary and secondary structure of yeast 26S rRNA. — Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 6935—6952.*
- Walker T. A., Pace N. R. 5.8S ribosomal RNA. — Cell, 1983, v. 33, p. 320—322.*
- Żwieb C., Glotz C., Brimacombe R. Secondary structure comparisons between small subunit ribosomal RNA molecules from six different species. — Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 3621—3640.*

Глава III

РИБОСОМНЫЕ БЕЛКИ

1. РАЗНООБРАЗИЕ. НОМЕНКЛАТУРА

Каждая рибосомная субчастица содержит много различных белков, и большинство из них представлено лишь одной молекулой на рибосому. В этом состоит коренное отличие структурно асимметричного рибосомного рибонуклеопротеида от вирусных нуклеопротеидов, образованных за счет упорядоченной упаковки многих идентичных белковых субъединиц. Открытие и доказательство этого факта, главным образом в пионерских исследованиях Ж.-П. Валлера, установило один из важнейших принципов структурной организации рибосом.

Лучшим способом аналитического разделения рибосомных белков является электрофорез в геле. Уже при одномерном гель-электрофорезе в денатурирующих условиях можно получить значительное фракционирование рибосомных белков по заряду и молекулярной массе (размеру). Среди рибосомных белков большинства живых организмов преобладают умеренно основные полипептиды, хотя всегда

имеется и несколько нейтральных и кислых белков. Молекулярные массы рибосомных белков варьируют в основном от 10000 до 30000 дальтон, и лишь единичные белки достигают массы около 60000—70000 дальтон. В прокариотических рибосомах малая (30S) субчастица содержит около 20, а большая (50S)—около 30 различных белков. В эукариотических рибосомах белков больше: малая (40S) субчастица имеет около 30 белков, а большая (60S)—около 40. Как уже отмечалось, почти все (но не все!) белки содержатся лишь по одной молекуле на рибосому.

Полное аналитическое разрешение всех рибосомных белков достигается с помощью двумерного гель-электрофореза в денатурирующих условиях. Удобная система разделения была предложена Э. Кальтшмидтом и Г. Виттманном: они использовали 8%-ный полиакриламидный гель при pH 8,6 для электрофореза в первом направлении и 18%-ный гель при pH 4,6 во втором направлении. В этих условиях разделялись все белки 30S субчастицы и все белки 50S субчастицы *E. coli*. Пример такого разделения белков обеих рибосомных частиц в слегка модифицированной системе дан на рис. 53 и 54. Первое направление электрофореза в рыхлом геле при нейтральном или слегка щелочном pH обеспечивает движение кислых и нейтральных белков влево, к аноду, в то время как основные белки мигрируют вправо, к катоду, разделяясь в основном по заряду. Второе направление электрофореза в плотно сшитом геле при кислом pH обеспечивает движение всех белков в одну сторону—к катоду (вниз), и в их разделение большой вклад вносит размер разделяемых компонентов (чем меньше, тем подвижнее).

Разделение в вышеуказанной системе легко в основу современной номенклатуры рибосомных белков. Было предложено обозначать рибосомные белки цифрами по порядку сверху вниз, как это видно на двумерных электрофореграммах (рис. 53 и 54). Белки малой (small) рибосомной субчастицы (30S или 40S) отмечаются индексом S (S1, S2, S3, и т. д.), а белки большой (large) рибосомной субчастицы (50S или 60S)—соответственно, индексом L (L1, L2, L3, и т. д.). Малая субчастица рибосомы *E. coli* содержит 21 белок, от S1 до S21. Большая субчастица рибосомы содержит 32 различных белка, от L1 до L34; пятно, обозначенное первоначально как L8, не представляет собой отдельного белка, а является комплексом белков L10 и L12; пятна, обозначенные как L7 и L12, оказались одним и тем же белком, и L7 является лишь N-ацетилированным производным L12. Белок S20 в малой субчастице оказался идентичным белку L26 в большой субчастице. Таким образом, 70S рибосома *E. coli* содержит 52 различных белка.

Кислый белок L7 / L12 рибосом *E. coli* (120 аминокислотных остатков, молекулярная масса 12200 дальтон) является уникальным в том отношении, что представлен четырьмя молекулами на рибосому; он, по-видимому, образует тетрамер с молекулярной массой около 50000 дальтон. Аналоги этого кислого белка имеются в рибосомах всех организмов, включая как прокариоты, так и эукариоты.

Кроме белков S20 / L26 и L7 / L12, все остальные белки имеются

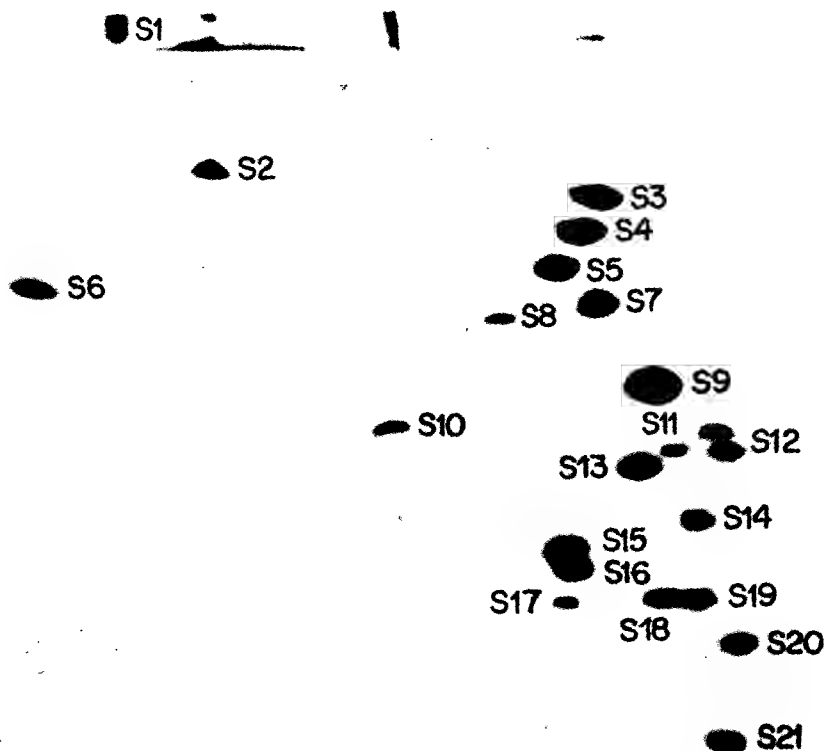


Рис. 53. Двумерное электрофоретическое разделение белков рибосомной 30S субчастицы *E. coli* и их номенклатура (по E. Kaltschmidt, H. C. Wittmann Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1970, v. 67, p. 1276–1282):

первое направление (горизонтальное): 4%-ный полиакриламидный гель, содержащий 8 М мочевины, pH 8,6; второе направление (вертикальное, сверху вниз): 18%-ный полиакриламидный гель, содержащий 6 М мочевины, pH 4,6

в рибосоме *E. coli* только в одном экземпляре. Наиболее крупный белок содержится в малой субчастице; это S1 (557 аминокислотных остатков, молекулярная масса 61160 дальтон); он довольно лабильно связан с рибосомой и легко теряется при выделении. Остальные белки много меньше по размеру; молекулярная масса самых крупных из них (S2, S3) — около 26000 дальтон. Самые маленькие белки — L29, L30, L31, L32, L33 и L34 — представляют собой основные полипептиды с длиной около 50–60 аминокислотных остатков (молекулярная масса около 5000–7000 дальтон), и все сосредоточены в большой рибосомной субчастице. Размеры рибосомных белков *E. coli* представлены в табл. 1.

В эукариотических рибосомах имеются белки с молекулярными массами между 26000 и 60000 дальтон, в дополнение к более мелким белкам (см. Bielka, 1982).

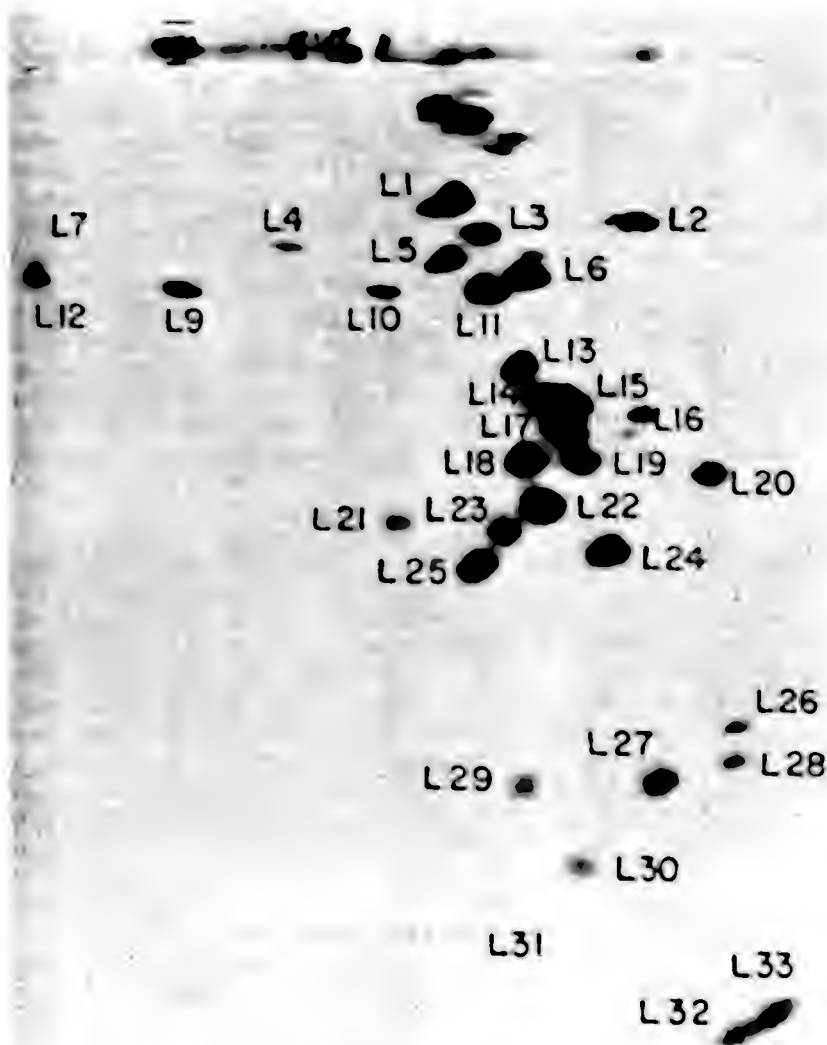


Рис. 54. Двумерное электрофоретическое разделение белков рибосомной 50S субчастицы *E. coli* и их номенклатура по E. Kaltschmidt, H. G. Wittmann Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1970, v. 67, p. 1276-1282):

пятно L 34 на этой электрофорограмме не видно/Условия разделения те же, что на рис. 53/

Таблица 1. Размеры рибосомных белков *Escherichia coli*

Обозначение белка	Количество аминокислотных остатков	Молекулярная масса, дальтон	Радиус инерции, Å (1 Å = 0,1 нм)		Обозначение белка	Количество аминокислотных остатков	Молекулярная масса, дальтон	Радиус инерции, Å (1 Å = 0,1 нм)
S1	557	61159	58, 63*(?)		L5	178	20171	
S2	240	26613			L6	176	18832	
S3	232	25852	16*		L7 / L12	120	12206	
S4	203	23138	18, 31*		L9	148	15696	
S5	166	17514	14*		L10	165	17736	
S6	131	15187	14*		L11	141	14872	
S7	177	19732	15, 14*		L13	142	16019	
S8	129	13996	13, 13*		L14	120	13227	
S9	128	14569	13*		L15	144	14981	
S10	103	11736	12*		L16	136	15295	
S11	128	13728	13*		L17	127	14365	
S12	123	13608	13*		L18	117	12770	
S13	117	12968			L19	114	13002	
S14	98	11191			L20	117	13366	
S15	87	10001	13, 12*		L21	103	11564	
S16	82	9192	12		L22	110	12226	
S17	83	9573			L23	99	11013	13*
S18	74	8896			L24	103	11185	
S19	91	10299			L25	94	10694	
S20-L26	86	9553			L27	84	8993	
S21	70	8369			L28	77	8875	
					L29	63	7272	
					L30	58	6411	
L1	233	24599	26*		L31	62	6971	
L2	272	29730			L32	56	6315	
L3	209	22258	22*		L33	54	6255	
L4	201	22087	20*		L34	46	5380	

* Величины без звездочки — минимальные значения, полученные для изолированных белков в компактной конформации (I. N. Serdyuk et al. FEBS Lett., 1978, v. 94, p. 349–352). Звездочкой отмечены радиусы инерции, полученные для белков *in situ* (без их выделения) с помощью техники нейтронного рассеяния (V. R. Ramakrishnan et al. J. Mol. Biol., 1981, v. 153, p. 739–760; K. H. Nierhaus et al. Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1983, v. 80, p. 2889–2893).

2. ПЕРВИЧНЫЕ СТРУКТУРЫ

В настоящее время определены первичные структуры всех рибосомных белков *E. coli*. Подавляющее большинство первичных структур было установлено группой Б. Виттманн-Либольд в отделе Г. Виттманна (Зап. Берлин). Сравнение этих первичных структур показало их полную неперекрываемость; каждый рибосомный белок действительно оказался уникальным по своей аминокислотной последовательности, и никаких гомологий между белками заметить не удалось. Таким образом, в рибосоме *E. coli* имеется 52 различные аминокислотные последовательности.

Каких-либо принципиальных особенностей первичных структур рибосомных белков по сравнению с обычными растворимыми глобулярными белками отмечено не было. Большинство последователь-

ностей, однако, содержит повышенное количество лизиновых и аргининовых остатков, иногда в виде лизин-аргининбогатых блоков, что прямо связано, по-видимому, с РНК-связывающими свойствами рибосомных белков и обуславливает их суммарный положительный заряд (основной характер). Во многих белках отсутствует триптофан.

Первичные структуры рибосомных белков сильно консервативны в эволюционном отношении. Во всяком случае, между эквивалентными рибосомными белками представителей двух различных групп эубактерий — грамтрицательных бактерий (*Escherichia*) и грамположительных бактерий (*Bacillus*) — наблюдается большая гомология аминокислотной последовательности; как правило, не менее 50% аминокислотных остатков в полипептидной цепи соответствующего белка совпадают. Точно так же значительная гомология аминокислотной последовательности прослеживается между белками рибосом различных эволюционно удаленных эукариотических организмов; животные, высшие растения и грибы могут обнаруживать гомологию их эквивалентных рибосомных белков до 40—50%. Интересно, что архебактерии (метабактерии) тоже имеют некоторую гомологию их рибосомных белков с эквивалентными белками эукариот (до 20—30%), но мало гомологии, или совсем никакой, с рибосомными белками эубактерий.

3. ПРОСТРАНСТВЕННЫЕ СТРУКТУРЫ

Рибосомные белки характеризуются в основном глобулярной компактной конформацией, с развитой вторичной и третичной структурой. Одно время широко распространилось убеждение, что рибосомные белки являются особенными, не похожими на обычные глобулярные белки; сообщалось об их сильно вытянутой или сильно рыхлой конформации, иногда разветвленной по всей рибосомной субчастице. Однако скоро стало понятно, что рыхлые конформации изолированных рибосомных белков представляют собой артефакт, являющийся следствием низкой стабильности их нативной конформации вне рибосомы. Конформация рибосомных белков стабилизируется при взаимодействии с РНК и друг с другом. Тем не менее, при соблюдении определенных условий большинство рибосомных белков можно выделить в индивидуальном виде в компактной конформации, по-видимому, близкой к нативной. Оказалось возможным также продемонстрировать компактность ряда рибосомных белков *in situ*, в составе рибосомной частицы.

Таким образом, рибосомные белки не отличаются принципиально от обычных растворимых глобулярных белков по своей компактности и общей степени свернутости полипептидной цепи во вторичные и третичные структуры. Компактность некоторых рибосомных белков в сравнении с рядом обычных растворимых глобулярных белков, в терминах их радиусов инерции, демонстрируется на рис. 55. На рис. 56,а дан спектр кругового дихроизма одного из рибосомных белков *E. coli* — S15 —, показывающий высокую долю вторичной структуры (α -спиралей) в нем. На рис. 56,б дан спектр ядерного протонного магнитного резонанса этого же белка, из которого видно суще-

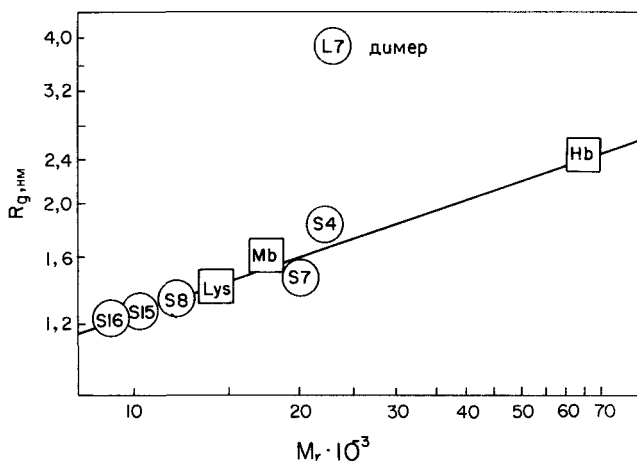


Рис. 55. Зависимость радиусов инерции некоторых рибосомных белков *E. coli* от их молекулярной массы (по I. N. Serdyuk et. al. FEBS Lett., 1978, v. 94, p. 349–352; J. Mol. Biol., 1980, v. 137, p. 93–107):

Для сравнения также даны радиусы инерции против молекулярной массы для некоторых типичных глобулярных белков — лизоцима (Lys), миоглобина (Mb) и гемоглобина (Hb). Наклон прямой этой зависимости составляет $1/3$, что характерно для гомологичного ряда белков глобулярной компактной формы. (Глобулярная компактная конформация белков вовсе не означает их сферической формы и допускает определенные вариации отношения эквивалентного эллипсоида вращения)

ствование специфического окружения остатков ароматических аминокислот, гистидиновых остатков и метильных групп белка, указывающего на его развитую третичную структуру.

Вместе с тем, по крайней мере некоторые рибосомные белки могут иметь некомпактные «хвосты». Например, белок S6 *E. coli* характеризуется наличием сильно кислой С-концевой последовательности, кончающейся несколькими глутаминовыми остатками подряд, которая вряд ли включена в глобулярную часть белка. Белок S7 является типичным компактным глобулярным белком, но в штамме *E. coli* K он имеет дополнительную последовательность на С-конце, которая, по-видимому, не является необходимой частью его глобулярной структуры.

Рядом особенностей отличается кислый белок L7/L12. Уже указывалось, что в рибосоме он образует тетрамер. В растворе стабильной является его димерная форма. Димер белка L7/L12 — это жесткая вытянутая палочкообразная молекула с радиусом инерции около 4 нм (длина около 10 нм при молекулярной массе 25000 дальтон). В тетрамере они уложены, по-видимому, параллельно, формируя палочкообразный стержень 50S субчастицы (см. гл. Б.1). Мономерная субъединица белка L7/L12 оказалась построенной из двух доменов — глобулярного С-концевого (около 70–80 аминокислотных остатков) и неглобулярного (вытянутого) N-концевого (приблизительно 40 аминокислотных остатков).

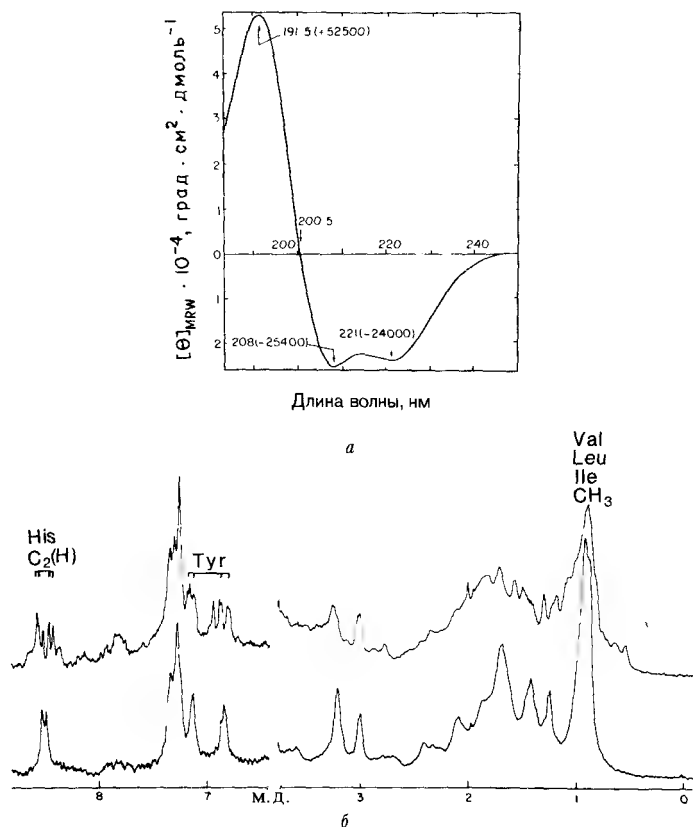


Рис. 56. Спектры циркулярного дихроизма и протонного ядерного магнитного резонанса рибосомного белка S15, демонстрирующие существование вторичной и третичной структуры (по Z. V. Gogia et al. FEBS Lett., 1979, v. 105, p. 63–69):

а – Спектр циркулярного дихроизма. Рассчитанное из спектра содержание α -спиральной конформации составляет не менее 70%; б – Спектр протонного ЯМР белка S15 в компактной форме (вверху), в сравнении со спектром того же белка в денатурирующих условиях – 5М мочеvine (внизу). В случае компактного белка видны резонансные линии от взаимодействия алифатических аминокислотных остатков с ароматическими остатками в крайне высокопольной области спектра (0,1–0,8 м. д.), широкие перекрывающиеся линии неполярных алифатических остатков в умеренно высокопольной области (0,8–3,5 м. д.) и сдвиги сигналов ароматических остатков в низкопольной области (6,5–8,5 м. д.), характеризующие третичную структуру белка

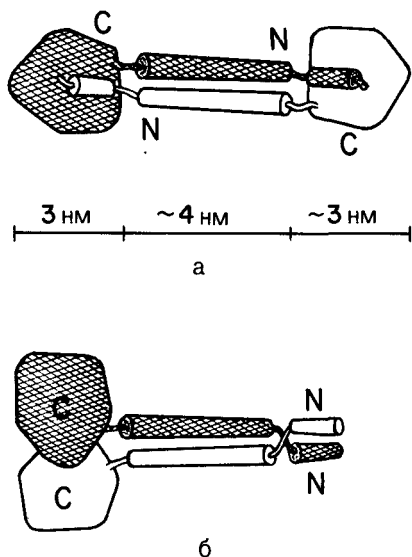


Рис. 57. Схема димеризации рибосомного белка L7/L12: два возможных варианта (по А. Т. Gudkov et al. FEBS Lett., 1977, v. 82, p. 125–129; С. А. Luer, K. – P. Wong Biochemistry, 1979, v. 18, p. 2019–2027; А. Liljas. Prog. Biophys. Molec. Biol., 1982, v. 40, p. 161–228):

а — антипараллельная укладка; б — параллельная укладка; N и C — палочкообразные N-концевые и глобулярные C-концевые домены, соответственно

β -структуру; их последовательное расположение вдоль полипептидной цепи — $\beta\alpha\alpha\beta\beta$. В пространстве они образуют два слоя: три α -спирали уложены в один слой, и антипараллельная β -структура из трех тяжей образует другой слой. Схематически пространственная структура глобулярного домена белка L7/L12 дана на рис. 58.

4. БЕЛКОВЫЕ КОМПЛЕКСЫ

Одним из сравнительно мягких способов диссоциации рибосомных белков от рибосомной частицы служит обработка высокими концентрациями одновалентных солей, таких как CsCl, LiCl, NH₄Cl. Замечено, что многие белки диссоциируют при этом не как индивидуальные молекулы, а группами. Это отражает определенную кооперативность удержания белков в составе рибосомной частицы. В некоторых случаях группы белков представляют собой белковые комплексы, целиком удаляемые из частицы раствором соли высокой концентрации. Одним из таких стабильных комплексов является пентамер, образуемый одной молекулой белка L10 и тетрамером белка L7/L12.

кислотных остатков), соединенных легко расщепляемым «шарниром». Похоже, что две N-концевые аланин-богатые последовательности образуют жесткий биспиральный комплекс (две параллельные α -спирали), и две такие пары формируют в рибосоме основную часть палочкообразного стержня 50S субчастицы. Согласно одной модели, спирали в димере антипараллельны (рис. 57, а), и тогда в тетрамере два глобулярных домена образуют проксимальную часть L7/L12 стержня, а два других — дистальную (гантелеобразная структура). По другой модели субъединицы белка L7/L12 уложены параллельно (рис. 57, б), так что в тетрамере четыре глобулы образуют или основание, или конец L7/L12 стержня.

Глобулярный домен белка L7/L12 *E. coli* (фрагмент 47–120) — первый белковый элемент рибосомы, который был закристаллизован и пространственная структура которого была установлена рентгенографическим методом с разрешением 0,17 нм. Вторичная структура глобулы включает α -спирали и

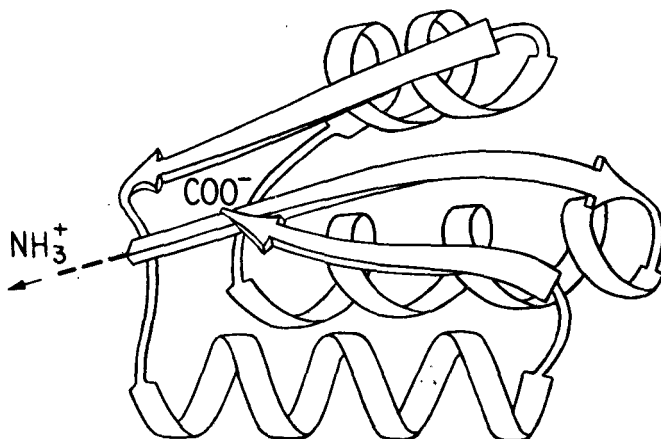


Рис. 58. Схема пространственной структуры глобулярного С-концевого домена рибосомного белка L7/L12: ленточное изображение хода полипептидной цепи (по A. Liljas, *Prog. Biophys. Molec. Biol.*, 1982, v. 40, p. 161–228; M. Leijonmark et al. *Nature*, 1980, v. 286, p. 824–826)

Он избирательно удаляется из 50S субчастицы обработкой смесью 1 М NH_4Cl с этанолом. Соответственно, такое удаление лишает 50S субчастицу ее стержня. В комплексе как белок L10, так и белок L7/L12 обладают существенно большей стабильностью их глобулярных структур, чем в индивидуальном состоянии. Пентамерный комплекс может быть в лабильной ассоциации с еще одним белком — L11.

Другой пример комплекса — пара белков S6–S18. Интересно, что по отдельности эти белки, и особенно S18, крайне нестабильны; S18 вообще трудно получить в компактной конформации в изолированном состоянии при обычных условиях. Однако, образуя комплекс, белки стабилизируют конформацию друг друга. Комплекс представляет собой компактную структуру глобулярного типа.

Белок-белковые комплексы могут играть очень важную роль в структуре и функции рибосомы, участвуя в формировании четвертичных структур ее функциональных центров.

5. ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ С РИБОСОМНЫМИ РНК

Четвертичные структуры функциональных центров рибосомы формируются также и с участием рибосомных РНК.

Низкомолекулярная рибосомная РНК — 5S РНК — взаимодействует с рядом белков 50S субчастицы, образуя с ними комплекс, локализующийся в районе центрального протуберанца (см. предыдущую главу). Три белка — L5, L18 и L25 — образуют довольно прочный нуклеопротеидный комплекс с 5S РНК. С этим комплексом более лабильно взаимодействуют также белки L2, L3, L15, L16, L17, L21, L22, L33 и L34. Этот большой комплекс уже проявляет некоторые

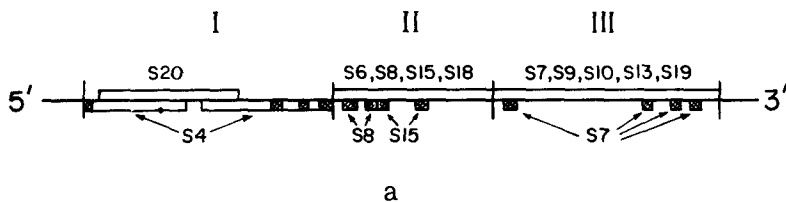
функциональные свойства: он может связывать тРНК и имеет определенное родство к 30S субчастице.

Аналогична ситуация и в случае эукариотических рибосом. 5S РНК печени крысы образует комплекс с белками L5, L6 и L18 рибосомной 60S субчастицы; белки L7, L8 и L35 более лабильно связаны в комплексе. Эукариотическая 5,8S РНК, представляющая собой структурный гомолог 5'-концевой последовательности прокариотической 23S РНК, вступает в комплекс почти с тем же набором белков: L5, L6, L7 и L18. В результате может быть образован единый комплекс, содержащий 5S РНК, 5,8S РНК и белки L5, L6, L18 и др. Этот эукариотический комплекс обладает функциональной активностью: он может связывать тРНК.

Особый интерес представляют, конечно, взаимодействия рибосомных белков с высокополимерными рибосомными РНК (16S и 23S РНК прокариот или 18S и 28S РНК эукариот), ибо они представляют собой основной ковалентный каркас и структурное ядро рибосомных субчастиц. По-видимому, большинство рибосомных белков контактируют и так или иначе взаимодействуют с высокополимерными рибосомными РНК. Однако среди них можно выделить специальные «сердцевинные» РНК-связывающие белки, которые прочно взаимодействуют с соответствующей рибосомной РНК, более или менее независимо от других белков. Такими белками малой (30S) рибосомной субчастицы *E. coli*, независимо вступающими в комплекс с 16S РНК, являются S4, S7, S8, S15, S17 и S20. Каждый из них связывается только со специфическим местом на 16S РНК, узнавая его нуклеотидную последовательность и пространственную структуру. Эту последовательность можно выявить таким путем: изолированный белок добавляется к рибосомной РНК, в результате чего образуется специфический белок-РНК-комплекс; комплекс переваривается рибонуклеазой, так что негидролизованной остается лишь та часть нуклеотидной последовательности, которая закрыта белком; эта защищенная последовательность определяется и, таким образом, идентифицируется. Другой метод локализации белков на первичной структуре рибосомной РНК — ковалентная сшивка (например, фотоиндуцированная) белка с РНК непосредственно в составе рибосомы, с последующим удалением несшитых белков, перевариванием РНК с помощью РНКазы и идентификацией сшитого олигонуклеотида. Расположение мест связывания вышеуказанных шести белков вдоль цепи 16S РНК схематически показано на рис. 59,а. Видно, что белки S4 и S20 (а также S17, не показанный на рисунке) комплексируются в районе 5'-концевой трети 16S РНК (домен I), белки S8 и S15 взаимодействуют с серединой 16S РНК (домен II), а белок S7 имеет место посадки в районе 3'-концевой трети цепи этой РНК (домен III).

Можно указать районы вторичной структуры 16S РНК, узнаваемые независимо связывающимися белками. Белок S8 узнает, связывает и защищает от нуклеаз длинную составную спираль 25—26 в домене II (см. рис. 42). Белок S15 занимает непосредственно соседнюю, по направлению к 3'-концу РНК, длинную составную спираль 28—29—30. Белок S4 узнает и связывает шпильку, включающую спирали 20

16S PHK



23S PHK

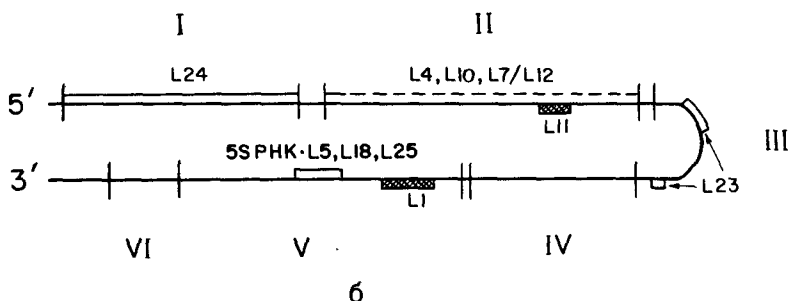


Рис. 59. Схема расположения мест связывания «сердцевинных» рибосомных белков вдоль цепей рибосомных 16S PHK (а) и 23S PHK (б) (по S. Mizushima, M. Nomura, Nature, 1970, v. 226, p. 1214–1218; R. A. Zimmermann, in: Ribosomes, N.-Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 225–269; R. A. Zimmermann, in: Ribosomes: Structure, Function, and Genetics, Baltimore: University Park Press, 1980, p. 135–169): римскими цифрами обозначены отрезки PHK, образующие соответствующие структурные домены

и 21, и, по-видимому, основания двух непосредственно смежных спиралей 2 и 18 (одна из которых — черешок домена I); стабилизируя компактную структуру всего домена I, белок S4 защищает от нуклеаз гораздо более протяженные районы цепи. Белок S7 узнает и связывает район домена III, куда сходятся несколько спиралей — 39, 40, 52 и 54–55.

Белками, независимо и специфически связывающимися с определенными участками рибосомной 23S PHK *E. coli*, являются L1, L2, L3, L4, L6, L9, L11, L20, L23, L24 и некоторые другие, а также пентамерный комплекс $(L7/L12)_4 \cdot L10$. Схема расположения мест связывания некоторых белков вдоль цепи 23S PHK дана на рис. 59, б.

Другие рибосомные белки, взаимодействующие с рибосомной PHK, требуют для образования достаточно прочных комплексов с ней также и присутствия хотя бы одного или нескольких «сердцевинных» PHK-связывающих белков. Здесь возможны два случая: либо соб-

рибосомных субчастиц можно выявить определенные кооперативные группы белков, привязанные к тем или иным местам пространственной структуры рибосомной РНК. В 30S субчастице *E. coli* одну такую группу образуют белки 3'-проксимального домена 16S РНК (домен III): S7, S9, S13, S19, S10, S14 (рис. 60), а также S3 и S2. Все они, как будет показано в следующей главе, располагаются на «головке» 30S субчастицы и формируют ее тРНК-связывающий центр. Другая кооперативная группа белков 30S субчастицы привязана к срединному домену 16S РНК (домен II) и включает РНК-связывающие белки S8 и S15, пару S6–S18, а также S11 и S21; это в основном белки боковой лопасти («платформы») 30S субчастицы. Эта группа через белки S5 и S12 тесно связана с кооперативной группой 5'-концевого домена 16S РНК (домен I), куда относятся РНК-связывающие белки S4, S17 и S20, а также белки S12 и S16, входящие в состав центрального «тела» субчастицы.

Рекомендуемая литература

- Bielka H.*, ed. The Eukaryotic Ribosome. Berlin: Akademie-Verlag, 1982.
- Chambless G. et al.*, eds. Ribosome: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 51–88; 333–355; 797–824.
- Cohn W. E.*, ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1976, v. 18, p. 1–44; 1983, v. 28, p. 1–48; 101–142.
- Nomura M., Tissières A., Lengyel P.*, eds. Ribosomes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 93–140; 193–223; 309–331; 417–460.
- Weissbach H., Pestka S.*, eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 117–202.
- Horne J. R., Erdmann V. A.* Isolation and characterization of 5S RNA-protein complexes from *Bacillus stearothermophilus* and *Escherichia coli* ribosomes. – Mol. Gen. Genet., 1972, v. 119, p. 337–344.
- Kaltschmidt E., Wittmann H. G.* Ribosomal proteins. VII. Two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis for fingerprinting of ribosomal proteins. – Anal. Biochem., 1970, v. 36, p. 401–412.
- Liljas A.* Structural studies of ribosomes. – Prog. Biophys. Mol. Biol., 1982, v. 40, p. 161–228.
- Metspalu E., Ustav M., Maimets T., Villemis R.* The composition and properties of the *Escherichia coli* 5S RNA-protein complex. – Eur. J. Biochem., 1982, v. 121, p. 383–389.
- Nierhaus K. H., Lietzke R., May R. P. et al.* Shape determinations of ribosomal proteins in situ. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1983, v. 80, p. 2889–2893.
- Ramakrishnan V. R., Yabuki S., Sillers I.-Y. et al.* Positions of proteins S6, S11 and S15 in the 30S ribosomal subunit of *Escherichia coli*. – J. Mol. Biol., 1981, v. 153, p. 739–760.
- Serdyuk I. N., Zaccari G., Spirin A. S.* Globular conformation of some ribosomal proteins in solution. – FEBS Lett., 1978, v. 94, p. 349–352.
- Terhorst C. P., Möller W., Laursen R., Wittmann-Liebold B.* The primary structure of an acidic protein from 50S ribosomes of *Escherichia coli* which is involved in GTP hydrolysis dependent on elongation factors G and T. – Eur. J. Biochem., 1973, v. 34, p. 138–152.
- Waller J.-P.* Fractionation of the ribosomal protein from *Escherichia coli*. – J. Mol. Biol., 1964, v. 10, p. 319–336.
- Waller J.-P., Harris J. I.* Studies on the composition of the proteins from *Escherichia coli* ribosomes. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1961, v. 47, p. 18–23.
- Wittmann H. G.* Components of bacterial ribosomes. – Ann. Rev. Biochem., 1982, v. 51, p. 155–183.

Глава IV

ВЗАИМОРАСПОЛОЖЕНИЕ РИБОСОМНОЙ РНК И БЕЛКОВ (ЧЕТВЕРТИЧНАЯ СТРУКТУРА)

1. ПЕРИФЕРИЧЕСКОЕ ПОЛОЖЕНИЕ БЕЛКОВ НА ЯДРЕ РНК

В отличие от вирусных нуклеопротеидов, в рибосоме РНК не покрыта сплошной белковой оболочкой. Давно было показано, что значительные участки рибосомной РНК в рибосоме экспонированы и вполне доступны для действия внешних агентов — например, нуклеаз. Это принципиальное отличие от вирусных частиц понятно, поскольку рибосома представляет собой рабочую функционирующую структуру, где РНК должна активно участвовать во взаимодействиях с внешними факторами, а не быть хранилищем генетической информации, требующим защиты.

В то же время, белок и РНК в рибосоме вовсе не взаимоперемешаны. Высокополимерная РНК каждой рибосомной субчастицы **самосвернута** в компактную структуру той или другой формы (см. раздел II), и белки внутрь нее, по-видимому, не попадают. Следовательно, рибосомные белки должны располагаться преимущественно **на** компактно свернутой высокополимерной РНК. Это значит, что белки занимают преимущественно периферическое положение на ядре РНК.

Впервые этот принцип организации рибосомы был выведен И. Н. Сердюком и др. из экспериментов по измерению радиусов инерции (R_g) рибосомных субчастиц. Прежде всего, радиус инерции, измеренный методом диффузного малоуглового рассеяния рентгеновских лучей, оказался существенно меньше, чем можно было ожидать из размеров (объема) субчастицы, если бы она была однородно плотным телом. Отсюда следовал вывод, что электронно более плотный компонент частицы (РНК) локализуется преимущественно ближе к центру тяжести частицы, в то время как менее плотный компонент (белок) имеет тенденцию располагаться в среднем ближе к периферии. Далее, измерение радиусов инерции рибосомных субчастиц с помощью разных типов излучения (рентгеновские лучи, нейтроны, свет) показало, что чем больше вклад белкового компонента, по сравнению с РНК, в рассеяние (относительная рассеивающая доля белка растет в вышеуказанном ряду типов излучения), тем больше значение радиуса инерции частицы (рис. 62). Наконец, применение нейтронного рассеяния частиц в растворителях с разной рассеивающей способностью для нейтронов (разным соотношением H_2O и D_2O) позволило прямо измерить радиус инерции РНК и белкового компонента *in situ* в отдельности. Дело в том, что H_2O и D_2O сильно различаются по рассеивающей способности для нейтронов, а рассеивающие способности биологических макромолекул занимают проме-

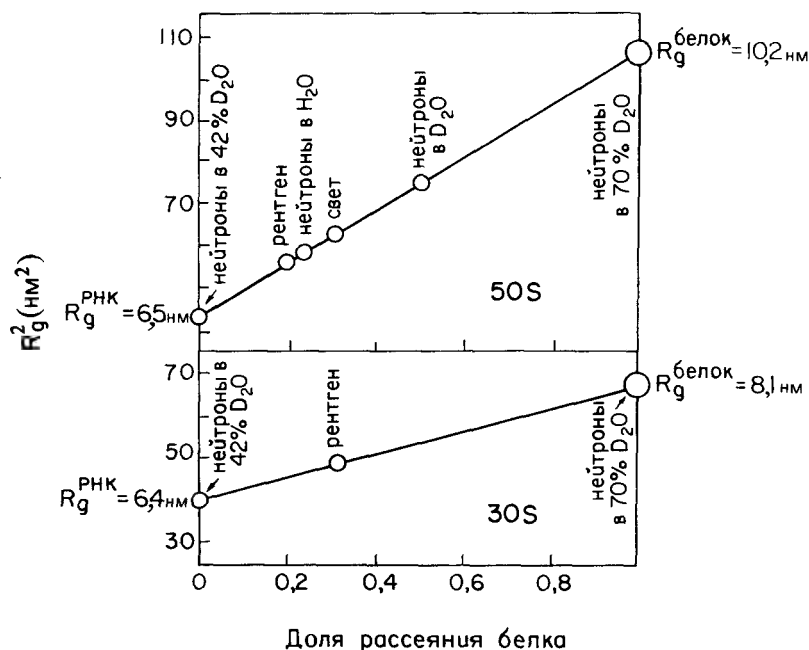


Рис. 62. Зависимость величин радиуса инерции рибосомных частиц, измеряемых путем рассеяния рентгеновских лучей, нейтронов или света, от относительного вклада белкового компонента в рассеяние (предоставлено И. Н. Сердюком, Институт белка АН СССР, Пушкино):
50S частицы показаны на верхнем рисунке, а 30S — на нижнем

жучокное положение. Основываясь на этом факте, можно подобрать такие соотношения H_2O/D_2O в растворителе, когда рассеяния макромолекулы и растворителя будут равны, т. е. данный тип макромолекул будет «не виден» для нейтронов (скомпенсирован по контрасту). Экспериментально найдено, что нейтронное рассеяние белка скомпенсировано в 40–42% D_2O , в то время как РНК не видна для нейтронов в 70% D_2O . Соответственно измерения радиусов инерции рибосомных субчастиц в 42% D_2O дают значения радиуса инерции только рибосомной РНК *in situ*, а измерения в 70% D_2O показывают радиус инерции тотального белкового компонента частицы. Для рибосомной 50S субчастицы *E. coli* эти значения оказались равны 6,5 нм и 10 нм для РНК и белка, соответственно (рис. 62), т. е. РНК в виде ядра сосредоточена преимущественно у центра, а белок в среднем занимает более периферическое положение. В случае рибосомной 30S субчастицы эта разница меньше — 6,5 нм и 8,0 нм для РНК и белка, соответственно (рис. 62). Последнее понятно, так как сама 16S РНК 30S субчастицы хотя и меньше по массе, но и менее компактна по форме (менее изометрична), чем 23S РНК 50S субчастицы, а с другой стороны, белок 30S субчастицы может локализоваться между ветвями (лопастями) 16S РНК.

Сердцевинное положение РНК и более периферическая локализация белков в рибосомных частицах может быть продемонстрирована также с помощью специальной техники электронной микроскопии, где частицы погружены в среды с разной электрон-рассеивающей плотностью. Здесь используется тот же принцип контрастирования, что и в случаях диффузного рассеяния в растворе. Так, когда частицы погружены в глюкозу, то электрон-рассеивающие плотности среды и белкового компонента оказываются уравненными и видна только РНК. В других средах видны как белок, так и РНК. Этим методом удалось подтвердить как тот факт, что РНК образует центральное ядро в рибосомной частице, так и многочисленные указания, что в то же время РНК далеко не вся покрыта белками, а в ряде мест образует поверхность частицы.

Следует отметить, что ядро РНК в рибосомной частице является плотным, т. е. степень свернутости РНК *in situ* высока. Так, из радиуса инерции и кривой рассеяния следует, что объем РНК в 50S субчастице составляет всего около $2 \cdot 10^3$ нм³; это значение всего в два раза больше «сухого» объема РНК. То же верно для 16S РНК в 30S субчастице. Другими словами, плотность упаковки РНК в рибосомной частице оказывается приблизительно такой же, как плотность кристаллической упаковки гидратированных спиралей или тРНК.

2. ТОПОГРАФИЯ БЕЛКОВ

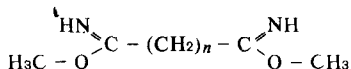
Когда известно сердцевинное положение рибосомной РНК, детальное поверхностное распределение белков, или топография белков, является следующим шагом в познании четвертичной структуры рибосомы. Разработан целый ряд экспериментальных подходов для изучения топографии белков.

Определение соседствующих белков

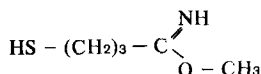
Некоторые сведения о белках-соседях можно извлечь уже из данных о местах связывания белков на первичной и вторичной структуре рибосомной РНК (см. раздел III, 5). Действительно, если места посадки каких-то белков находятся совсем рядом на РНК, то, очевидно, эти белки являются соседями на рибосоме. Например, в приводившемся выше случае белков S8 и S15 они узнают и связывают соседние участки цепи и соседние шпильки во вторичной структуре 16S РНК; очевидно, что белки S8 и S15 — соседи также и топографически. К ним примыкают белки S6 и S18, требующие для своего связывания предварительной посадки белков S8 и S15 и имеющие, как было показано, места узнавания на первичной структуре РНК в том же районе. Другой пример — это соседствование на цепи 16S РНК (в домене I) мест связывания белков S4, S16, S17 и S20.

Более универсальный подход основан на применении бифункциональных химических реагентов для сшивки белков-соседей друг

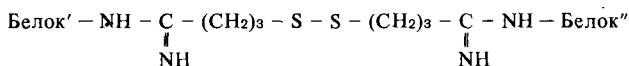
с другом. После обработки рибосомных частиц такими реагентами идентификация белков в сшитых парах устанавливает, что данные белки являются соседями на рибосоме. Наиболее широко применяемыми в качестве бифункциональных сшивающих реагентов были диимидозефир с различной длиной углеродной цепи:



Эфирные группы такого реагента активно атакуются ε-аминогруппами лизиновых остатков рибосомных белков с образованием амидинной связи (взамен эфирной). Используя реагенты различной длины, например, диметилсуберимидат ($n=6$) и диметиладипимидат ($n=4$), можно грубо оценивать, насколько близко белки-соседи расположены друг к другу. Некоторую проблему представляет идентификация белков в сшитых парах (поскольку белок уже нельзя выделить в индивидуальном виде); одним из путей является иммунологическая идентификация партнеров в паре, без их разъединения. Другой путь — использование расщепляемых сшивок. Например, рибосомные частицы обрабатываются сульфгидрильным производным имидозефира, таким как метил-4-меркаптобутиримидат:



Он реагирует с аминогруппами белков. Затем производится окисление для образования пар белков через дисульфидные мостики:



Сшитые таким путем пары белков выделяются, дисульфидные связи восстанавливаются, и индивидуальные белки идентифицируются электрофоретически. Следующие пары белков, сшиваемых в 30S субчастице даже короткими реагентами, отмечаются особенно часто: S2–S3, S3–S10, S4–S5, S4–S17, S5–S8, S8–S15, S6–S18, S18–S21, S7–S9, S7–S13, S13–S19; все это, по-видимому, непосредственные соседи на рибосоме. Следует отметить также некоторые пары, образуемые при использовании более длинных реагентов: S3–S5, S3–S9, S4–S8.

Общая схема соседствования белков рибосомной 30S субчастицы, как следует из описанных выше подходов, представлена на рис. 63 (кружки, обозначающие сшиваемые белки, соединены линиями, а те, что являются соседями на РНК, помещены в четырехугольники).

Измерение расстояний между белками

Еще более широко проблема взаимного расположения белков решается измерением расстояний между ними. Однако технически это осуществить гораздо сложнее, чем в предыдущем случае.

Один путь состоит в том, что какие-либо два белка в рибосоме избирательно метятся флюоресцентными группами. Тогда, в за-

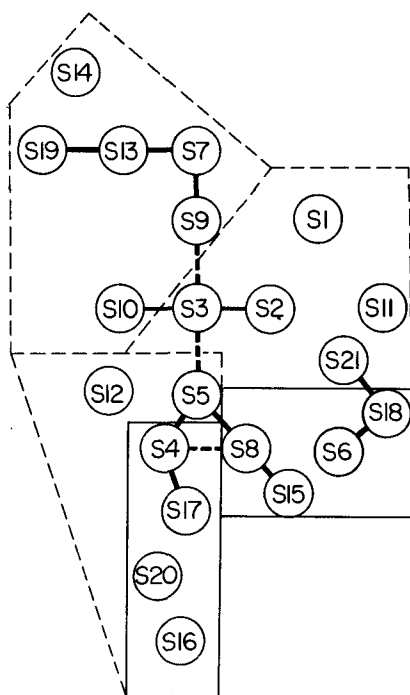


Рис. 63. Схема соседствования белков в рибосомной 30S субчастице:

белки, соединенные сплошной линией, сшиваются коротким реагентом (самый непосредственный контакт); белки, соединенные пунктиром, сшиваются более длинными реагентами; группы белков, обведенные сплошной линией, имеют соседние места связывания на последовательности рибосомной РНК; три группы белков, обведенные пунктирной линией, соответствуют трем доменам РНК и трем морфологическим долям частицы

висимости от типа меток (перекрывания их спектров возбуждения и излучения) и от расстояния между ними, может иметь место большее или меньшее спектральное взаимодействие между ними (синглет-синглетный перенос энергии). Регистрируя изменения в спектрах флюоресценции как меру взаимодействия между метками, можно, таким образом, довольно точно оценивать расстояние между мечеными белками. Этим путем было подтверждено, что белки S7 и S9, S8 и S15, S6 и S18, S20 и S16 / S17 находятся очень близко друг к другу (по-видимому, в непосредственном контакте). Близко друг к другу, согласно измерениям, расположены белки S4 и S20, S4 и S16/S17, S13 и S19 и некоторые другие. Далеко друг от друга оказались метки белков S4 и S18, S4 и S19, S13 и S16/S17, S15 и S19, S19 и S20 и др.

Другой путь измерения расстояний между белками основан на использовании нейтронного рассеяния рибосомными частицами с избирательно дейтерированными парами белков. Так как протонированные белки и дейтерированные белки по-разному рассеивают нейтроны, то из сравнения рассеяния от немеченых и меченых частиц можно выделить вклад именно дейтерированной пары, а из него оценить как расстояние между центрами масс двух

белков, так и степень вытянутости (компактности) каждого белка *in situ*. Подбирая состав растворителя (соотношение $\text{H}_2\text{O}/\text{D}_2\text{O}$) так, чтобы скомпенсировать рассеяние от протонированного белка, можно еще более усилить видимый вклад дейтерированной пары. Используя измеренные расстояния между центрами масс белков в многочисленных дейтерированных парах, Р. Мур и Д. Энгельман с сотр. применили геодезический метод триангуляции для построения модели трехмерного расположения рибосомных белков в 30S субчастице *E. coli* (рис. 64). Эти данные показывают, что действительно белки S7, S9 и S10 образуют одну тесную группу, а белки S4, S5, S8 и S12 сгруппированы в другой кластер близких белков; белок S3 находится между ними (ср. с рис. 63). Полученные результаты явились одним из наиболее точных и фунда-

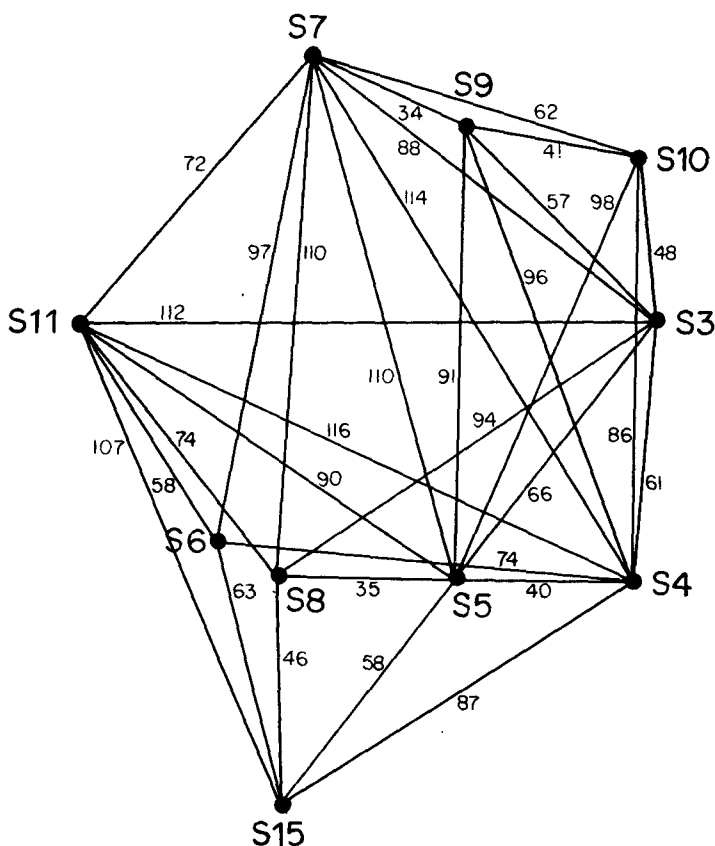


Рис. 64. Триангуляция белков рибосомной 30S субчастицы по данным нейтронного рассеяния (по P. B. Moore et al. J. Mol. Biol., 1977, v. 112, p. 199–234; V. Ramakrishnan et al. J. Mol. Biol., 1981, v. 153, p. 739–760):

цифрами указаны расстояния между центрами масс белков в Å ($10\text{Å} = 1\text{ нм}$).

ментальных вкладов в наши знания о расположении белков на рибосомной частице.

Иммунная электронная микроскопия

Подходы, описанные выше, дают сведения о взаимном расположении белков друг относительно друга, но без какой-либо привязки к морфологии рибосомной частицы. Применение электронной микроскопии для визуализации белков на рибосоме позволяет определить местоположение белка на морфологически видимом контуре рибосомной частицы, а в комбинации с вышеописанными данными наложить всю сеть белковой топографии (рис. 63 и 64) на видимые проекции

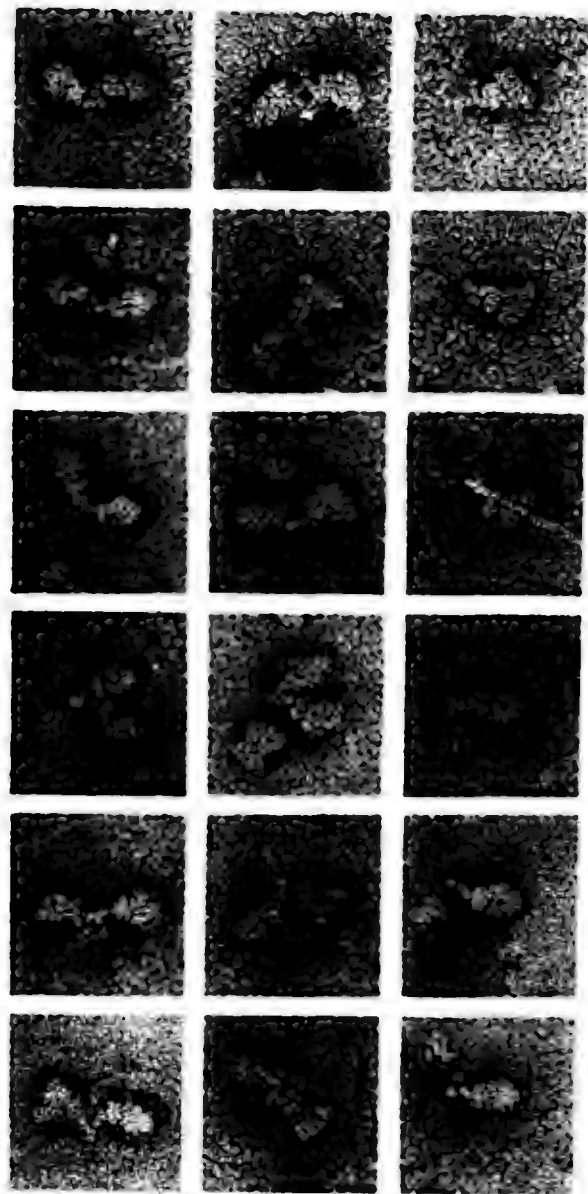


Рис. 65. Электронные микрофотографии рибосомных 30S субчастиц, прореагировавших с антителами против белка S14 (O. A. Lake et al. Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1974, т. 71, р. 4688-4692); оригинал предоставлен д-ром Дж. Лейком, Калифорнийский университет, Лос-Анджелес):
 два верхних ряда представляют частицы, диссоциирующие молекулы антитела; нижний ряд — свободные частицы с присоединенной молекулой антитела

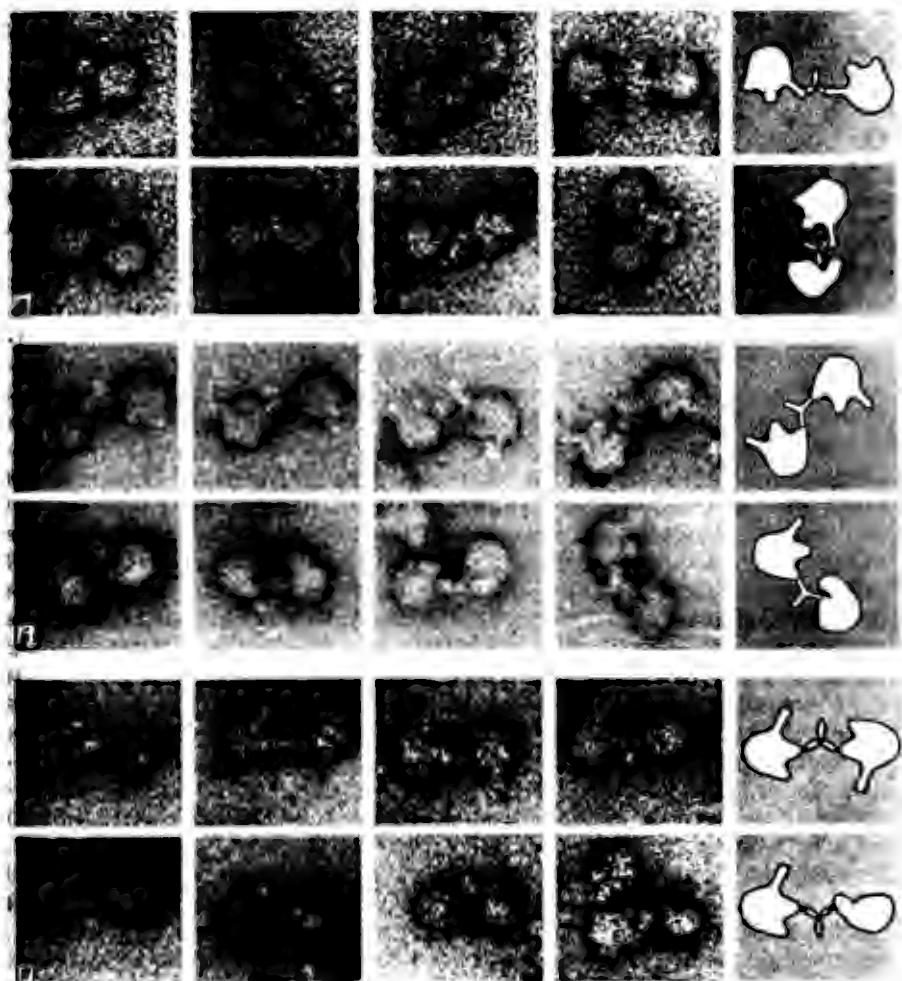


Рис. 66. Электронные микрофотографии рибосомных 50S субчастиц, прореагировавших с антителами: *а* — антитела против белка L7/L12 (по W. A. Strycharz et al. J. Mol. Biol., 1978, v. 126, p. 123–140); оригинал предоставлен д-ром Дж. Лейком, Калифорнийский университет, Лос-Анджелес); *б* — антитела против белка L1 (предоставлено д-ром Г. Штоффлером, Институт молекулярной генетики им. М. Планка, Зап. Берлин); *в* — антитела против 5S РНК-белкового комплекса; 50S частицы видны с их выпуклой («задней») стороны (предоставлено В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушино)

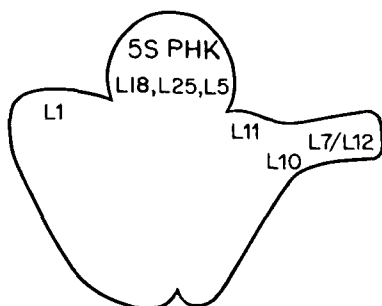


Рис. 67. Контуры рибосомной 50S субчастицы с указанием приблизительного местоположения некоторых белков.

частицы. Для такой электронно-микроскопической визуализации белков на рибосоме было предложено использовать специфические антитела к индивидуальным рибосомным белкам. Двувалентное антитело, связываясь с данным белком, может взаимодействовать одновременно с двумя частицами, давая образование их димера через мостик антитела. Наблюдая димеры в электронный микроскоп, можно определить, какими местами поверхности соединены частицы; это, очевидно, и есть место локализации данного белка на поверхности (рис. 65 и 66). В ряде случаев можно прямо видеть прикреп-

ление Y-образной молекулы антитела к определенному месту поверхности индивидуальной частицы. Именно с помощью иммунной электронной микроскопии было установлено, что белок L7/L12 образует боковой палочкообразный стержень 50S субчастицы, белок L1 входит в состав другого бокового протуберанца (бокового выступа) 50S субчастицы, а 5S РНК-белковый комплекс локализуется в центральном протуберанце (головке) 50S субчастицы (рис. 67).

Главное внимание исследователей было сосредоточено на попытках локализовать методом иммунной электронной микроскопии белки 30S субчастицы *E. coli*. Однако, несмотря на возможность получения специфических антител ко всем 21 индивидуальным белкам, эта задача оказалась не простой, и метод дал много ложных локализаций. Дело в том, что этот метод, кажущийся столь прямым и демонстративным, таит опасности различных артефактов, обусловленных недостаточной очисткой антител, неспецифическим присоединением антител к некоторым участкам поверхности частиц, искажением специфического положения антитела на частице вследствие ее ориентации на подложке и т. д. Тем не менее, в настоящее время можно выделить наиболее надежные результаты в отношении 30S субчастицы. Первой такой надежной локализацией было, по-видимому, определение положения белка S14 на головке частицы (рис. 65); антигенный детерминант белка был найден на поверхности головки со стороны, противоположной боковому выступу («платформе») 30S субчастицы (рис. 68). Недалеко от него были локализованы также антигенные детерминанты белков S10 и S19. Ниже этой группы белков, в районе борозды, разделяющей головку и тело, был локализован белок S3, а еще ниже, близко к борозде, но уже на теле субчастицы, белок S5 (рис. 68). Белки S6 и S11 были локализованы по другую сторону 30S субчастицы, а именно на ее боковом выступе («платформе»). Белок S8, согласно иммунной электронной микроскопии, располагается также у бокового выступа, где-то между ним и телом, на внешней (обращенной от 50S субчастицы) стороне 30S субчастицы.

Особый интерес вызывает локализация белка S4. Дело в том, что

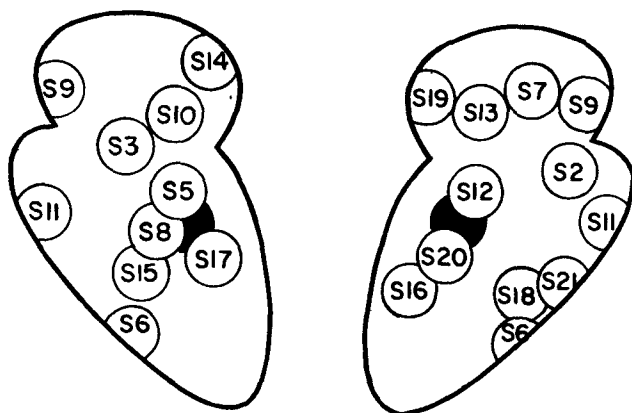


Рис. 68. Контуры рибосомной 30S субчастицы с указанием приблизительного местоположения ее белков: белок S4 обозначен сплошным кружком; слева — сторона 30S субчастицы, обращенная от 50S субчастицы; справа — сторона 30S субчастицы, обращенная к 50S субчастице

именно в отношении этого белка было получено много артефактов, включая ложные множественные антигенные детерминанты по всей частице. В конце концов оказалось, что ряд антигенных детерминант белка S4 не доступен для антител с поверхности частицы, а становится доступным после удаления белков S5 и S12. Действительно, место положения белка S4 было найдено очень близко к месту белка S5, и, очевидно, белок S5, а также белок S12 частично прикрывают собой белок S4 с поверхности. Вообще, белок S4 обнаруживает более или менее центральное положение в 30S субчастице (рис. 68).

3. ТОПОГРАФИЯ РНК

Иммунная электронная микроскопия

Если привязать специфические гаптенные группы (например, динитрофенильную или углеводную) к определенным местам рибосомной РНК или же получить антитела к модифицированным (минорным) основаниям ее, то можно с таким же успехом использовать иммунную электронную микроскопию для изучения топографии РНК на поверхности рибосомной частицы. Таким путем удалось локализовать прежде всего концы рибосомных РНК, к которым легче всего можно избирательно привязать ту или иную гаптенную группировку.

На 30S субчастице *E. coli* местоположение 3'-конца 16S РНК было найдено в районе верхушки бокового выступа («платформы») или между ним и головкой (рис. 69, а и в). Приблизительно в том же районе был локализован m⁶A торцевой петли 3'-концевой шпильки 16S РНК. 5'-конец 16S РНК был локализован в районе тела 30S субчастицы со стороны, противоположной боковому выступу (рис. 69, б и в).

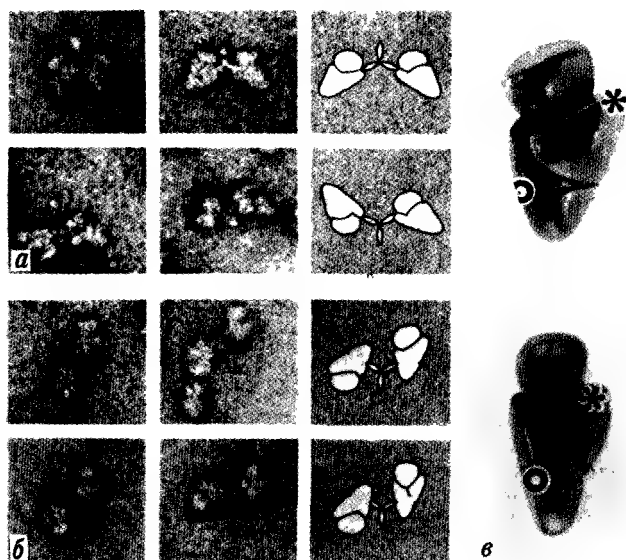


Рис. 69. Электронные микрофотографии рибосомных 30S субчастиц с антителами, присоединенными к модифицированному 3'-концу 16S РНК (а) и 5'-концу 16S РНК (б), а также фотографии двух проекций модели 30S субчастицы с обозначениями местоположений 3'-конца 16S РНК (звездочка) и 5'-конца РНК (кружок) (в) (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино)

На 50S субчастице *E. coli* место выхода 3'-конца 23S РНК на поверхность (и, следовательно, по-видимому, обоих ее концов) было найдено в районе основания L7/L12 стержня с внешней (обращенной от 30S субчастицы) стороны (рис. 70, б и в). (Этот участок, вероятно, соответствует обоим концам 23S РНК, так как они, согласно современной модели вторичной структуры, замкнуты друг на друга в двойной спирали.) 3'-конец 5S РНК был локализован на головке (центральном протуберанце) 50S субчастицы (рис. 70, а и в), что определило и локализацию всего 5S РНК-белкового комплекса, включающего белки L5, L18 и L25.

Привязка к топографии белков

Зная топографию белков и места посадки белков на первичной (и вторичной) структуре рибосомной РНК, можно, таким образом, вывести более или менее приблизительную топографию белоксвязывающих участков РНК на рибосомной частице. Естественно, что она будет просто повторять локализацию соответствующих рибосомных белков. Так, в районе белка S4 (рис. 68) должна локализоваться составная шпилька, включающая спирали 20–21 домена I, а также спираль 2, являющаяся черешком (спаренные 5'- и 3'-концы домена) всего домена I (рис. 42). Фактически это — центральное место в

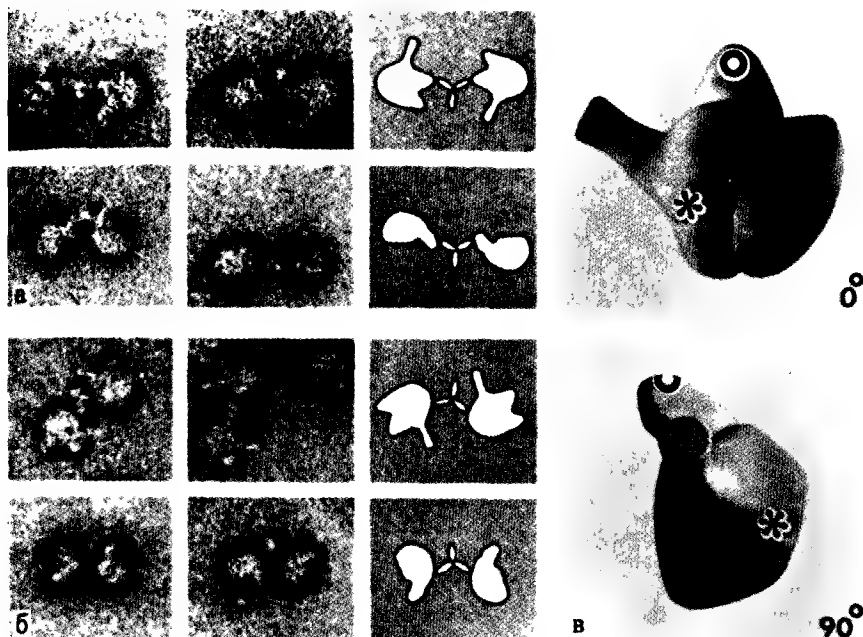


Рис. 70. Электронные микрофотографии рибосомных 50S субчастиц с антителами, присоединенными к модифицированным 3'-концам 5S РНК (а) и 23S РНК (б), а также фотографии двух проекций модели 50S субчастицы с обозначениями местоположений 3'-конца 5S РНК (кружок) и 3'-конца 23S РНК (звездочка) (в) (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино)

пространственной структуре 16S РНК, от которого расходятся все три ее главных домена; очевидно, что на морфологической картине Y-образной РНК (рис. 49 и 50) это соответствует району бифуркации.

В районе белка S8 (рис. 68) локализуется составная спираль 25—26 домена II (рис. 42). Так как белки S8 и S4 располагаются близко друг к другу (см. предыдущий раздел, а также рис. 63), то и составная спираль 25—26 домена II должна располагаться где-то в соседстве со шпилькой 20—21 домена I (как и показано схематически на рис. 42).

Наоборот, про белок S7, его непосредственных соседей (белки S9 и S13) и их окружение (белки S10, S14 и S19) известно, что они образуют группу, удаленную от центрального белка S4. Соответственно, узловой район домена III 16S РНК (куда сходятся спирали 39, 40, S2 и S5), связывающий белок S7, должен быть удален от черешка домена I и от бифуркации Y-образной РНК.

Говоря в общем о топографии главных доменов 16S РНК и их соотношении с главными морфологическими долями рибосомной 30S субчастицы (тело, боковой выступ и головка), можно исходить как раз из известных фактов о размещении белков на РНК и на 30S субчастице. Эти факты следующие. 1. Белки S4, S16, S17 и S20 связаны с 5'-концевым доменом I и в то же время обнаруживаются, как и сам 5'-конец РНК,

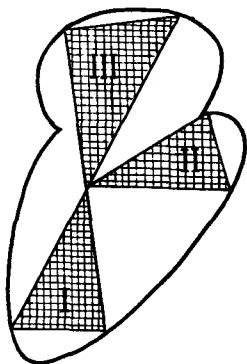


Рис. 71. Схема соответствия трех главных морфологических долей рибосомной 30S субчастицы (тело, боковой выступ и головка) трем главным структурным доменам 16S РНК (I, II и III, соответственно)

на теле 30S субчастицы. 2. Белки S8, S15, S6, S18 взаимодействуют с срединным доменом II 16S РНК, а на морфологически видимом изображении 30S субчастицы они локализируются либо непосредственно на ее боковой доле («платформе»), либо на стыке боковой доли и тела. 3. Группа белков S7, S9, S10, S13, S14 и S19 прикреплена к 16S РНК в районе ее 3'-проксимального домена III, а на 30S субчастице все они — типичные компоненты ее головки. Отсюда можно утверждать, что три главных структурных домена 16S РНК в общем соответствуют трем главным морфологическим долям 30S субчастицы: 5'-концевой домен I формирует ядро тела субчастицы, срединный домен II вносит вклад в образование бокового выступа («платформы»), а 3'-проксимальный домен III заполняет головку субчастицы. По-видимому, самый 3'-концевой участок 16S РНК (включая спирали 57, 58 и 59) простирается от основания головки («шеи») к верхушке боковой доли («платформы»), как об этом свидетельствуют данные иммунной электронной микроскопии по локализации 3'-конца и 3'-концевой шпильки (рис. 69).

Схематически соответствие доменов 16S РНК и морфологических долей 30S субчастицы показано на рис. 71.

4. ЧЕТВЕРТИЧНАЯ СТРУКТУРА

Полное решение проблемы точного взаиморасположения всех структурных элементов рибосомной частицы, включая белки и их группы, компактные домены РНК, отдельные спирали РНК и т. д., ждет получения подходящих кристаллов частиц и их рентгенографического, электронографического или нейтронографического изучения, с тем или иным разрешением. Обнадешивает то, что принципиально рибосомные частицы оказались кристаллизруемыми.

Однако из всей совокупности данных, изложенных выше, уже сейчас можно пытаться строить приблизительные модели взаимного расположения белков и РНК, в той или иной мере отражающие четвертичную структуру рибосомных частиц с грубым разрешением. Это особенно верно для рибосомной 30S субчастицы, в отношении которой существует гораздо больше сведений (и которая в то же время вдвое меньше), чем о 50S субчастице. Одна из таких грубых моделей размещения 21 рибосомных белков, аппроксимированных сферами с диаметром, соответствующим их молекулярным массам, на Y-образной РНК, форма которой выведена из электронной микроскопии, дана на рис. 72.

Хотя данные по диффузному рассеянию рентгеновских лучей или нейтронов суспензиями рибосомных частиц нельзя прямо интерпретировать в структурном плане, но их можно использовать для проверки

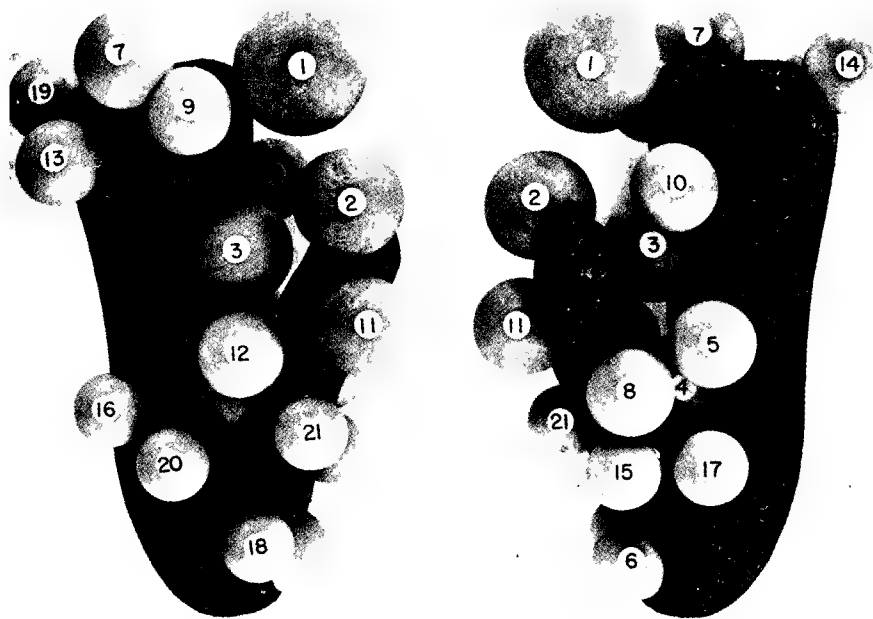


Рис. 72. Фотография двух проекций предварительной модели взаиморасположения Y-образной РНК и 21 белка (четвертичной структуры) в рибосомной 30S субчастице (по А. С. Спирину и др. Молек. биол., 1979, т. 13, с. 1384—1395).

предлагаемых моделей. Например, можно теоретически рассчитать кривые рассеяния, которые давали бы частицы, соответствующие модели, при различном рассеивающем вкладе белка и РНК. Размеры и форму РНК в модели можно проверять, сравнивая теоретически рассчитанную кривую при нулевом вкладе белка с экспериментальной кривой нейтронного рассеяния в 42%-ном D_2O , когда рассеяние от белка скомпенсировано растворителем. С другой стороны, характер взаиморасположения белков в модели можно тестировать путем сравнения рассчитанной из модели кривой при нулевом вкладе РНК с экспериментальной кривой нейтронного рассеяния в 70%-ном D_2O (точка компенсации рассеяния РНК растворителем). Наконец, задавая различные вклады белка и РНК при расчетах рассеяния от модели, можно получить набор теоретических кривых для сравнения с экспериментальными кривыми нейтронного рассеяния в H_2O , D_2O и при различных их соотношениях, а также с кривыми рентгеновского рассеяния; этим путем проверяется взаимное расположение белка и РНК в модели. Если соответствия между рассчитанными и экспериментальными кривыми не будет, модель должна быть отвергнута. Модель расположения РНК и белков в 30S субчастице, изображенная на рис. 72, не противоречит экспериментальным кривым нейтронного и рентгеновского рассеяния вплоть до разрешения около 4—5 нм.

Рекомендуемая литература

Итоги науки и техники. М.: ВИНТИ. Сер. молекул. биол., 1975. Т. 5. С. 8—151; 1982. Т. 17. С. 5—65.

Итоги науки и техники. М.: ВИНТИ. Сер. биол. химия, 1981. Т. 15. С. 78—115; 175—233.

Останевич Ю. М., Сердюк И. Н. Нейтронографические исследования структуры биологических макромолекул. — Успехи физ. наук., 1982. Т. 137. С. 85—116.

Спирин А. С., Васильев В. Д., Сердюк И. Н. Структурные исследования рибосомы и ее компонентов. — Кристаллография, 1981. Т. 26. С. 1053—1065.

Спирин А. С., Сердюк И. Н., Шпунгин И. Л., Васильев В. Д. Четвертичная структура рибосомной 30S субчастицы: модель и ее экспериментальная проверка. — Молекул. биол., 1979. Т. 13. С. 1384—1395.

Chambless G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 89—236.

Nomura M., Tissieres A., Lengvel P., eds. Ribosomes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 271—331.

Huang K.-H., Fairclough R. H., Cantor C. R. Singlet energy transfer studies of the arrangement of proteins in the 30S *Escherichia coli* ribosome. — J. Mol. Biol., 1975, v. 97, p. 443—470.

Kühlbrandt W., Unwin P.N.T. Distribution of RNA and protein in crystalline eukaryotic ribosomes. — J. Mol. Biol., 1982, v. 156, p. 431—448.

Lake J. A., Pendergast M., Kahan L., Nomura M. Localization of *Escherichia coli* ribosomal proteins S4 and S14 by electron microscopy of antibody-labeled subunits. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1974, v. 71, p. 4688—4692.

Litjas A. Structural studies of ribosomes. — Prog. Biophys. Mol. Biol., 1982, v. 40, p. 161—228.

Olson H. M., Glitz D. G. Ribosome structure: Localization of 3'-end of RNA in small subunit by immunoelectron microscopy. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1979, v. 76, p. 3769—3773.

Serdyuk I. N., Grenader A. K. Joint use of light, X-ray and neutron scattering for investigation of RNA and protein mutual distribution within the 50S particle of *E. coli* ribosomes. — FEBS Lett., 1975, v. 59, p. 133—136.

Serdyuk I. N., Grenader A. K., Zaccai G. Study of the internal structure of *Escherichia coli* ribosomes by neutron and X-ray scattering. — J. Mol. Biol., 1979, v. 135, p. 691—707.

Serdyuk I. N., Smirnov N. I., Pitsyn O. B., Fedorov B. A. On the presence of a dense internal region in the 50S subparticle of *E. coli* ribosomes. — FEBS Lett., 1970, v. 9, p. 324—326.

Shatsky I. N., Evstafieva A. G., Bystrova T. E. et al. Topography of RNA in the ribosome: Location of the 3'-end of 5S RNA on the central protuberance of the 50S subunit. — FEBS Lett., 1980, v. 121, p. 97—100.

Shatsky I. N., Mochalova L. V., Kojouharova M. S. et al. Localization of the 3'-end of *Escherichia coli* 16S RNA by electron microscopy of antibody-labelled subunits. — J. Mol. Biol., 1979, v. 133, p. 501—515.

Stuhrmann H. B., Haas J., Ibel K., et al. New low resolution model for 50S subunit of *Escherichia coli* ribosomes. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1976, v. 73, p. 2379—2383.

Tischendorf G. W., Zeichhardt H., Stöffler G. Architecture of the *Escherichia coli* ribosome as determined by immune electron microscopy. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1975, v. 72, p. 4820—4824.

Wittmann H. G. Architecture of prokaryotic ribosomes. — Ann. Rev. Biochem., 1983, v. 52, p. 35—65.

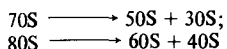
Глава V

СТРУКТУРНЫЕ ПРЕВРАЩЕНИЯ РИБОСОМ (*IN VITRO*)

Взаимодействия между рибосомными РНК и внутри РНК, между рибосомными белками и между белками и РНК в рибосоме очень подвержены влиянию внешних условий и особенно ионных условий среды. Важнейшую роль играют двухвалентные катионы и в первую очередь Mg^{2+} .

1. ДИССОЦИАЦИЯ РИБОСОМ НА СУБЧАСТИЦЫ

Уже при первых попытках выделения рибосом из различных организмов стало ясно, что для поддержания стабильности частиц необходимо присутствие достаточных концентраций ионов Mg^{2+} (или Ca^{2+}) в среде. Понижение концентрации этих двухвалентных катионов в среде приводило в первую очередь к диссоциации рибосом на составляющие субчастицы:



Такую же диссоциацию можно вызвать путем значительного повышения концентрации одновалентных катионов в среде. Диссоциация 70S рибосом *E. coli* при понижении концентрации Mg^{2+} в среде показана на седиментационных диаграммах (рис. 73).

Открытие диссоциации рибосом сыграло очень большую роль в их дальнейшем изучении. Именно разделение субчастиц и их выделение послужило отправной точкой для структурных исследований отдельно большой и малой субчастицы, для выделения и изучения индивидуальных 16S (18S) и 23S (28S) рибосомных РНК, для выделения и изучения рибосомных белков каждой субчастицы. Кроме того, стало возможным изучение парциальных функциональных активностей на изолированных рибосомных субчастицах, таких как связывание матричной РНК, связывание аминоацил-тРНК, пептидилтрансферазная функция, связывание и гидролиз ГТФ и т. п.

Необходимость достаточных концентраций Mg^{2+} или Ca^{2+} в среде (не менее 1 мМ) для поддержания ассоциированного состояния рибосом прежде всего связана, по-видимому, со структурно-функциональными особенностями рибосомной РНК. РНК в рибосоме находится преимущественно в виде Mg^{2+} -соли. Связанный Mg^{2+} ответствен за то, что отрицательные заряды фосфатов РНК в основном нейтрализованы, полиэлектролитные свойства РНК не проявляются и тесные РНК-РНК-взаимодействия могут быть разрешены. Понижение концентрации Mg^{2+} в среде (или повышение конкурентной концентрации одновалентного катиона) приводит к частичному удалению Mg^{2+} из рибосомы, что должно сказаться прежде всего на слабых РНК-РНК-взаимодействиях. Похоже на то, что диссоциация рибосом на субчастицы обусловлена прежде всего нарушением или ослаблением каких-то локальных контактов 16S (18S) РНК малой субчастицы с 23S (28S) РНК большой суб-

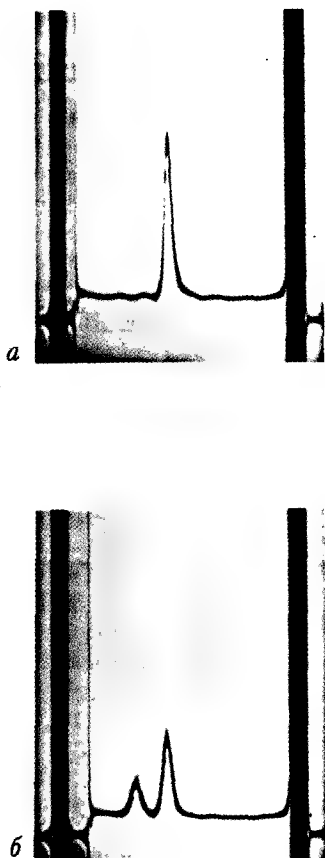


Рис. 73. Седиментационные диаграммы исходных 70S рибосом *E. coli* и продуктов их диссоциации на 30S и 50S субчастицы при понижении концентрации Mg^{2+} в среде:

а — 70S рибосомы при 10 mM $MgCl_2$ — 100 mM NH_4Cl ; б — 30S и 50S субчастицы при 1 mM $MgCl_2$ — 100 mM NH_4Cl

частицы. Действительно, изолированные 16S РНК и 23S РНК в условиях относительной компактности, включающих высокую концентрацию Mg^{2+} в среде, способны взаимодействовать друг с другом.

Эксперименты по химической модификации рибосом и их субчастиц с помощью кетоксала указали на два главных района 16S РНК, участвующих в ассоциации субчастиц: это, во-первых, две соседние составные шпильки, включающие спирали 29—30—31 и 32—33 серединного домена II, и, во-вторых, 3'-концевая последовательность. Оказалось, что некоторые гуаниловые остатки неспаренных участков этих районов (между спиралями 29 и 30, 30 и 31, 32 и 33, 32 и 34 и в торцевой петле спирали 33, с одной стороны, и между спиралями 38 и 57, 57 и 59 и в торцевой петле спирали 59, с другой) реагируют с кетоксалем в изолированной 30S субчастице и перестают реагировать после ассоциации с 50S субчастицей. Если эти остатки модифицированы кетоксалем, то 30S субчастица теряет способность к ассоциации с 50S субчастицей. Интересно, что ассоциация с 50S субчастицей вызывает также некоторую перестройку структуры РНК в 30S субчастице, приводящую к увеличению доступности нуклеотидных остатков в районе составной спирали 45—46—47 домена III 16S РНК. Исходя из локализации указанных районов РНК (см. предыдущий раздел), можно думать, что 30S субчастица осуществляет контакт с 50S субчастицей главным образом своей боковой лопастью («платформой») и головкой;

выходы 16S РНК в этих местах, по-видимому, ответственны за взаимодействие с субчастицей-партнером.

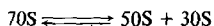
В 23S РНК 50S субчастицы также можно указать участки, вовлеченные во взаимодействие с 30S субчастицей при их ассоциации. Они оказались сосредоточены главным образом в домене, образуемом последовательностью 2043—2625 (домен V). Интересно, что с этим же доменом

взаимодействует, по-видимому, 5S РНК-белковый комплекс головки 50S субчастицы и белок L1 боковой доли 50S субчастицы. Очень вероятно, что именно головка и боковая доля 50S субчастицы осуществляют ее ассоциацию с 30S субчастицей («головка к головке» и «боковая доля к боковой доле» — см. раздел Б.1).

В предыдущих разделах уже указывалось, что головка 50S субчастицы включает 5S РНК-белковый комплекс. Оказалось, что этот комплекс сам по себе обнаруживает способность взаимодействовать с 30S субчастицей. Это может служить указанием на то, что 5S РНК-белковый комплекс также вносит вклад в ассоциацию рибосомных субчастиц («головка к головке»).

Роль отдельных рибосомных белков в ассоциации субчастиц изучена слабо. Исключать ее, однако, нельзя. Она может состоять как в стабилизации структур РНК, осуществляющих ассоциацию, так и в непосредственном вкладе в межсубчастичные контакты.

Давно известно, что абсолютная концентрация ионов Mg^{2+} в среде, требуемая для поддержания ассоциации рибосомных субчастиц, сильно зависит от функционального состояния рибосомы, и прежде всего от связанных с ней лигандов. Так, субчастицы в транслирующей рибосоме соединены особенно прочно, и для диссоциации требуется сильно понизить концентрацию Mg^{2+} в среде (вплоть до 10^{-4} М или даже ниже). Транслирующие рибосомы в посттранслокационном состоянии диссоциируют, по-видимому, несколько легче, чем претранслокационные рибосомы. Помимо возможного изменения способа ассоциации самих субчастиц в различных функциональных состояниях, оказалось, что связанные тРНК сами вносят большой вклад в устойчивость ассоциированного состояния рибосомы. Разницу в устойчивости претранслокационных и посттранслокационных рибосом, в частности, можно объяснить тем, что первые содержат две молекулы тРНК на рибосому, а вторые — одну. Вклад тРНК в стабилизацию ассоциации субчастиц можно понять: каждый тРНК-связывающий участок на рибосоме формируется центрами обеих субчастиц (см. последующие разделы), так что тРНК связывается с обеими, образуя дополнительный скрепляющий «мостик». В отсутствие лигандов (тРНК) рибосомные субчастицы скреплены относительно слабо. Во всяком случае, нетранслирующие свободные 70S рибосомы *E. coli* полностью диссоциируют уже при концентрациях Mg^{2+} ниже 5 мМ, а при более высоких концентрациях находятся в динамическом равновесии с субчастицами:



Эукариотические 80S рибосомы гораздо устойчивее к понижению Mg^{2+} в среде.

Необходимо отметить также некоторые внешние факторы, как способствующие, так и противодействующие ассоциации рибосомных субчастиц (рис. 74). Уже говорилось, что увеличение концентрации одновалентных катионов (K^+ , NH_4^+ и др.) всегда способствует диссоциации, и чем больше их концентрация, тем требуется больше Mg^{2+} для поддержания ассоциированного состояния. Здесь, несомненно, играет роль прямой конкурирующий эффект (вытеснение Mg^{2+} из рибосомы).

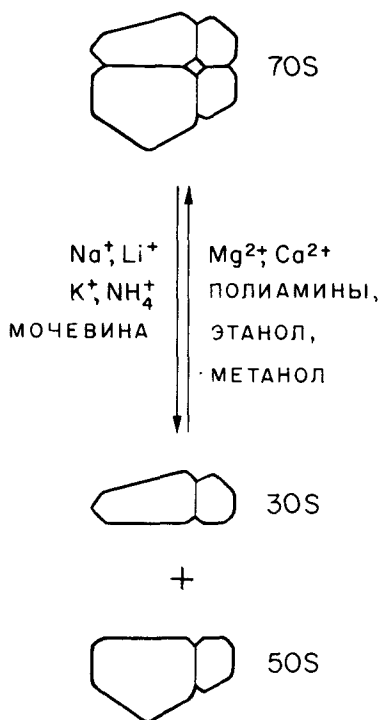


Рис. 74. Схема диссоциации рибосом на составляющие субчастицы. Указаны некоторые факторы среды, способствующие или противодействующие диссоциации

Однако наблюдается и интересная специфичность: Na^+ и Li^+ оказывают сильный диссоциирующий эффект даже в низких концентрациях. Для поддержания ассоциированного состояния рибосом Mg^{2+} в среде может быть полностью или частично заменен на Ca^{2+} , а также на Mn^{2+} и Co^{2+} (все это — катионы с близким ионным радиусом), в то время как Sr^{2+} , Ba^{2+} , Cd^{2+} , Hg^{2+} , Ni^{2+} , Zn^{2+} и другие дву- и поливалентные катионы либо неэффективны, либо обладают диссоциирующим действием. Органические поликатионы, такие как диамины (путресцин, кадаверин) и полиамины (спермидин, спермин), стабилизируют ассоциацию и могут рассматриваться как мощные синергисты Mg^{2+} ; по-видимому, они всегда присутствуют в каком-то количестве в рибосомах, внося вклад в стабилизацию третичной структуры рибосомной РНК и в РНК-РНК-взаимодействия. Интересно, что синергистами Mg^{2+} , могущими частично заменить его в среде для поддержания ассоциированного состояния рибосом, являются также многие водорастворимые органические растворители, такие как метанол, этанол, диметилсульфоксид, и другие; их антидиссоциирующее действие приблизительно

пропорционально их гидрофобности. В связи с этим стоит сказать, что добавление этих же растворителей в среду оказалось очень эффективным для поддержания компактной структуры изолированной рибосомной РНК.

In vivo диссоциация 70S или 80S рибосом на составляющие субчастицы происходит только после терминации трансляции. В этом случае связь между субчастицами ослабляется вследствие ухода лигандов (пептидил-тРНК и тРНК) и диссоциация, по-видимому, дополнительно еще и катализируется специальными белковыми факторами. Диссоциация рибосом на субчастицы после окончания трансляции матрицы — обязательный этап в их циклическом использовании в клетке (см. часть В).

2. РАЗВОРАЧИВАНИЕ СУБЧАСТИЦ

Если продолжать удалять Mg^{2+} из рибосомных частиц, то произойдет нарушение их компактности, т. е. разворачивание, без диссоциации белка от РНК. Чтобы достигнуть разворачивания, было предложено два главных способа для удаления Mg^{2+} из рибосомных частиц: либо конкурентное вытеснение связанного Mg^{2+} высокой концентрацией одно-

валентного катиона (например, 1 М NH_4^+) в среде, с последующим уменьшением ионной силы, либо прямое уведение Mg^{2+} комплексирующим агентом (например, этилендиаминтетраацетатом) при низкой ионной силе. Очевидно, что удаление связанного Mg^{2+} и низкая ионная сила среды приводят к проявлению полиэлектrolитных свойств рибосомной РНК. Вследствие возникающего электростатического отталкивания отрицательно заряженных фосфатных групп, сосредоточенных в относительно малом объеме частицы, компактная укладка РНК разрушается. Можно показать, что разрушаются в основном дальние взаимодействия, в то время как большая часть вторичной структуры РНК сохраняется, при условии, если ионная сила не очень низка.

В то же время белки продолжают висеть на разрыхленной высокополимерной РНК, т. е. имеет место разворачивание **рибонуклеопroteида**. Сохранение многих РНК-белковых взаимодействий при разворачивании свидетельствует о том, что локальные места узнавания на РНК, в том числе элементы локальной пространственной структуры, необходимые для удержания белков, могут продолжать существовать после нарушения общей укладки, а также о том, что Mg^{2+} вряд ли играет решающую роль в связывании белков с РНК. Более того, уменьшение ионной силы, требуемое для разворачивания, может стабилизировать ионные взаимодействия основных групп белков с отрицательно заряженной РНК, которые несомненно играют важную роль в удержании белков в рибосомном нуклеопroteиде (см. Б.В.3). Не исключено, что при разворачивании рибосомных частиц, особенно при интенсивном разворачивании, когда ионная сила очень низка и начинается разрушение спиралей, некоторые белки могут перераспределяться на цепи РНК и удерживаться неспецифически, за счет простых электростатических взаимодействий. (Следует оговориться, что некоторые слабо удерживаемые белки, а также 5S РНК, могут освобождаться из рибонуклеопroteида при разворачивании.)

Характерной чертой процесса разворачивания рибосомных субчастиц является то, что он носит кооперативный характер и проходит через определенные дискретные стадии. Проще всего следить за процессом разворачивания по уменьшению седиментационных коэффициентов частиц (уменьшение седиментационных коэффициентов сопровождается увеличением характеристической вязкости, уменьшением коэффициента диффузии и увеличением радиуса инерции). Когда связанный Mg^{2+} в значительной мере вытеснен из частиц, то постепенное уменьшение ионной силы среды приводит к следующей динамике изменений. Сначала исходные 50S и 30S компоненты превращаются непосредственно в 35S и 26S компоненты, соответственно; этот переход является скачкообразным, типа «все или ничего», и в промежуточных условиях обе формы, исходная и развернутая, могут сосуществовать на седиментационной диаграмме (рис. 75). Затем при дальнейшем понижении ионной силы 35S и 26S компоненты так же скачкообразно переходят в 22S и 15S компоненты, соответственно. Последние ведут себя уже как типичные полиэлектrolиты, полностью напоминая некомпактные формы 23S и 16S РНК; удаление солей из раствора приводит к их дальнейшему, теперь уже плавному, разворачиванию, сопровождаемому разрушением вто-

ричной структуры и падением коэффициентов седиментации до значений около 5S в воде (рис. 75). И так,

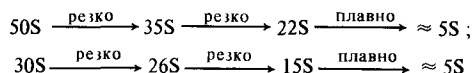


Схема разворачивания рибосомных частиц дана на рис. 76.

Открытие явления разворачивания рибосомных частиц (1963) впервые указало на ряд принципиальных черт структурной организации рибосом. Прежде всего, оно показало, что каждая рибосомная частица может рассматриваться как компактно свернутый рибонуклеопротеидный тяж, где роль ковалентно-непрерывного остова играет рибосомная РНК. Далее, стало ясно, что сворачивание этого рибонуклеопротеидного тяжа в компактную рибосомную структуру определяется прежде всего взаимодействиями внутри РНК, так как именно их нарушение приводит к разворачиванию. Теперь, зная, что РНК образует более или менее центральное ядро частицы, а белок локализован больше на периферии, можно проводить аналогию между сворачиванием рибонуклеопротеидного тяжа в компактную рибосомную частицу и сворачиванием полипептидной цепи в белковую глобулу; в обоих случаях свернутость тяжа означает сегрегацию двух химически различных фаз, одна из которых (РНК в рибосоме или гидрофобные группы в белке) оказывается преимущественно внутри, а другая (белки в рибосоме или гидрофильные группы в белке) — снаружи.

Ступенчатый (типа «все или ничего») характер первых стадий разворачивания может служить указанием на то, что нарушение компактности рибонуклеопротеида начинается с разрывов уникальных связей, фиксирующих общую свернутость. Такими первыми стадиями могут быть нарушения компактизирующих связей между главными долями рибосомной частицы или между доменами высокополимерной РНК. Дальнейшее разворачивание может включать в себя более или менее кооперативное «плавление» внутримолекулярной третичной структуры, а уже затем, в процессе полного удаления солей, постепенное выплавление отдельных спиралей.

В целом рибосомный рибонуклеопротеид ведет себя очень похоже на изолированную высокополимерную рибосомную РНК, несмотря на присутствие большого количества белков. Однако компактная структура рибонуклеопротеида всегда оказывается существенно стабильнее как к удалению Mg^{2+} , так и к понижению ионной силы, а также к нагреванию. Более того, изолированная РНК не достигает состояния своего максимально компактного сворачивания, свойственного ей в составе рибосомной частицы, или, во всяком случае, оно не стабильно, пока с ней не связан определенный минимальный набор белков (см. Б. В. 3). Создается впечатление, что вся специфичность сворачивания рибонуклеопротеида определяется его РНК (формированием третичной структуры РНК), в то время как белки стабилизируют отдельные ключевые элементы структуры РНК, включая некоторые спирали РНК. Именно с этим может быть связан также и более скачкообразный (более кооперативный) характер разворачивания рибосомной частицы по сравнению с развора-

чиванием изолированной РНК. Специфическая стабилизация определенными белками неустойчивых состояний элементов третичной и вторичной структуры РНК может быть общим принципом не только структурной организации рибосом, но и функционирования любых белково-нуклеиновых систем (см., например, раздел В.VI.7).

Из явления разворачивания рибосомной частицы в рибонуклеопротеидный тяж, без отделения рибосомных белков, прямо следовало важнейшее заключение, что именно ковалентно-непрерывная РНК удерживает на себе многочисленные рибосомные белки, являясь, таким образом, структурным каркасом для их размещения. В свое время это был новый принцип, так как изученные ранее случаи вирусных нуклеопротеидов представляли противоположный пример симметричной самоукладки белков в специфическую четвертичную структуру, с подгонкой РНК под нее. Действительно, формирование рибосомной частицы не может быть осу-

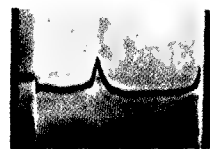
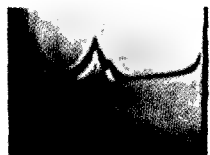
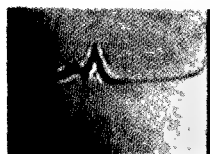
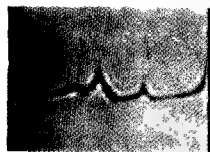
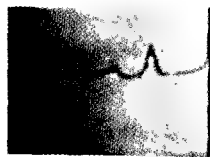
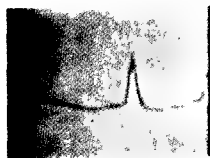


Рис. 75. Седиментационные диаграммы рибосомных 50S субчастиц по мере их разворачивания путем понижения ионной силы (по L. P. Gavrilova et al. J. Mol. Biol., 1966, v. 16, p. 473-489); предварительно 50S субчастицы были обработаны высокой концентрацией NH_4Cl для обеднения Mg^{2+} ; разворачивание прослеживается как дискретные переходы в состояния с пониженными коэффициентами седиментации, без деградации частиц; концентрации NH_4Cl указаны слева; коэффициенты седиментации приведены под каждой диаграммой.

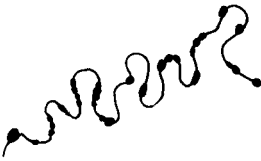
Морфология (схематически)	Коэффициент сегментации	Молекуляр- ная масса, дальтоны	Содержа- ние белка %	Плавучая плотность в CsCl, г/см ³
	50S	$1,5 \cdot 10^6$	33	1,65
	35S	$1,5 \cdot 10^6$	33	1,65
	22S	$1,4 \cdot 10^6$	33	1,65
	≈ 5S	$1,4 \cdot 10^6$	33	1,65



Рис. 76. Схема разворачивания рибосомной 50S частицы при удалении Mg^{2+} и понижении ионной силы

ществлено по принципу самосборки идентичных белковых субъединиц или субъединиц нескольких типов в симметричную структуру. Почти все белковые субъединицы рибосомы различны, будучи, как правило, представлены в одном экземпляре на частицу. Более того, таких различных субъединиц много. Поэтому здесь должен был реализоваться другой принцип самосборки: специфическая к определенным местам (сайт-специфическая) посадка многочисленных различных белков на уникальный ковалентно-непрерывный каркас или заготовленную «сердцевинную» пространственную структуру. Эксперименты по разборке и обратной самосборке рибосомных частиц, логически вытекавшие из явления разворачивания, действительно были осуществлены (см. Б.В.3) и явились полным подтверждением каркасной роли рибосомной РНК для размещения рибосомных белков.

3. РАЗБОРКА И ОБРАТНАЯ СБОРКА СУБЧАСТИЦ

Разборка

Если рибосомные частицы инкубировать при высоких ионных силах, поддерживая также и достаточно высокую концентрацию Mg^{2+} , то компактность частиц сохраняется, но наблюдается диссоциация рибосомных белков. Очевидно, что это происходит прежде всего как результат ослабления удержания белков на РНК вследствие подавления их электростатических взаимодействий. Как в условиях инкубации при постоянной высокой концентрации соли, так и при ступенчатом повышении ионной силы имеет место последовательное отщепление групп белков с образованием серии белок-дефицитных производных, т. е. ступенчатая разборка рибосомных частиц.

Так как разборка сопровождается увеличением отношения РНК: белок в частицах, то за ее ходом удобно следить по увеличению плавучей плотности частиц, например, методом изопикнического равновесного центрифугирования в градиенте концентрации $CsCl$. На рис. 77 показано появление серии белок-дефицитных производных из рибосомных 50S и 30S субчастиц *E. coli* под действием 5 M $CsCl$ (в присутствии 2 mM $MgCl_2$). Схема отщепления белков 30S субчастицы под действием увеличивающейся концентрации $LiCl$ при 5 mM $MgCl_2$ дана на рис. 78. Сначала, в результате инкубации в 1 M соли, могут быть удалены такие относительно слабо удерживаемые белки, как S1, S2, S3, S14, S21; остаются 28S частицы, имеющие содержание белка 30% и, соответственно, плавучую плотность в $CsCl$ 1,67 г/см³. Инкубация в 2 M $LiCl$ приводит к отщеплению следующей порции белков: S5, S9, S10, S12, S13, S20; получающиеся 25S частицы содержат почти половину исходного содержания белка (20%) и имеют плавучую плотность в $CsCl$ 1,74 г/см³. В интервале от 3 M до 3,5 M $LiCl$ отщепляются сначала белки S6, S18, S11 и S19, а затем белки S16 и S17, так что в конце концов получаются 23S частицы, содержащие только 4 рибосомных РНК-связывающих белка, а именно S4, S7, S8 и S15. Отщепление этих последних белков требует уже применения более жестких воздействий, таких как комбинация высокой соли с мочевиной.

Отщепление большей части белков, по-видимому, не сопровождается нарушением общей третичной структуры и компактности рибосомной РНК. Электронно-микроскопическое прослеживание за процессом разведения 30S субчастицы *E. coli* показало, что удаление половины белков не приводит к сколько-нибудь значительным морфологическим изменениям частиц: они сохраняют те же размеры, то же соотношение осей (2:1) и то же характерное подразделение на головку, тело и боковую лопасть. Более того, внешне такие же частицы видны и после удаления 15 из 21 белков. Проверка компактности рибосомной РНК в частицах с различным содержанием белков с помощью рентгеновского и нейтронного рассеяния подтверждает электронно-микроскопические наблюдения: РНК, удерживающая всего 6 белков, таких как S4, S7, S8, S15, S16 и S17, сохраняет компактность и форму, свойственную ей в составе 30S субчастицы.

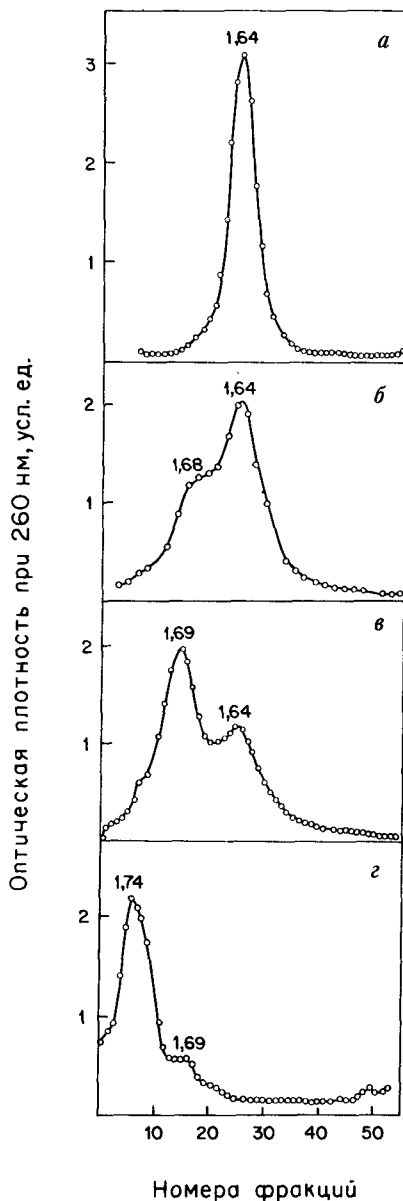


Рис. 77. Плотностное распределение рибосомных частиц по мере их разборки (потери белка) в результате инкубации в CsCl (по A. S. Spirin et al. J. Mol. Biol., 1965, v. 14, p. 611–615):

а — рибосомы, фиксированы формальдегидом и центрифугированы в CsCl до равновесия; единственный компонент $\rho = 1,64$ г/см³ соответствует исходным рибосомам; б — рибосомы инкубированы в 5 М CsCl в течение 15 мин, затем фиксированы формальдегидом и центрифугированы в CsCl до равновесия; видно появление белок-дефицитных частиц с $\rho = 1,68$ – $1,69$ г/см³; в — рибосомы инкубированы в 5 М CsCl в течение 1 ч, затем фиксированы формальдегидом и центрифугированы в CsCl до равновесия; видно накопление белок-дефицитных частиц и появление частиц, еще более дефицитных по белку, $\rho = 1,72$ – $1,74$ г/см³; г — рибосомы центрифугированы в CsCl без фиксации в течение 36 ч; основным компонентом становятся частицы, сильно дефицитные по белку, $\rho = 1,72$ – $1,74$ г/см³.

Отщепление «сердцевинных» РНК-связывающих белков, однако, уже более существенно сказывается на дестабилизации РНК, так что ее компактность, согласно измерениям радиуса инерции, несколько уменьшается (линейные размеры возрастают приблизительно на одну четверть). Тем не менее, и изолированная 16S РНК при достаточной концентрации Mg^{2+} и ионной силе, и 16S РНК в комплексе с «самым сердцевинным» белком S4, и комплекс РНК с четырьмя белками, такими как S4, S7, S8 и S15, достаточно компактны и сохраняют специфическую общую укладку, проявляющуюся в характерной Y-образной форме, вписывающейся в контуры 30S субчастицы (см. Б.П., 4). Это значит, что общий тип сворачивания 16S РНК управляется и поддерживается ее собственными внутримолекулярными взаимодействиями, хотя стабилизация окончательной и полной свернутости требует набора «сердцевинных» РНК-связывающих белков.

Разумеется, другие рибосомные белки также могут вносить вклад в поддержание и стабилизацию рибосомной РНК, но, по-видимому, главным образом ее более локальных структур.

Аналогичные закономерности можно отметить и при разведении 50S субчастицы *E. coli*. Ее 23S РНК сохраняет исходную компактность

МОРФОЛОГИЯ	КОЭФФИЦИЕНТ СЕДИМЕНТАЦИИ (В УСЛОВИЯХ КОМПАКТИЗАЦИИ)	ОТЩЕПЛЯЕМЫЕ БЕЛКИ	СОДЕР- ЖАНИЕ БЕЛКА, %	ПЛАВУЧАЯ ПЛОТНОСТЬ В CsCl , г/см^3
	30S СУБЪЕДИНИЦА		38	1,62
↓	↓	S1, S2, S3, S14, S21		
	28S РНП		30	1,67
↓	↓	S5, S9, S10, S12, S13, S20		
	25S РНП		20	1,74
↓	↓	S6, S18, S11, S19		
	25S РНП		15	1,76
↓	↓	S16, S17		
	23S РНП		12	1,78
↓	↓	S7, S8, S15		
	22S РНП		4	$\approx 1,8$
↓	↓	S4		
	22S РНК		0	$\approx 1,9$

Рис. 78. Схема разборки рибосомной 30S субчастицы под действием высоких концентраций соли (например, повышающейся концентрации LiCl в присутствии 5 мМ MgCl_2)

вплоть до стадии, когда в частице удерживается всего 9 белков из 32 (L2, L3, L4, L13, L17, L20, L21, L22 и L23). При дальнейшем отщеплении белков компактность несколько уменьшается, но еще остается довольно высокой, а общая форма молекулы заметно не изменяется.

Таким образом, ступенчатое разделение (разборка) рибосомных частиц ясно демонстрирует каркасную роль высокополимерной РНК для размещения рибосомных белков. Из явления разворачивания следовало, что цепь РНК (ее первичная структура) служит в качестве ковалентно-непрерывного остова частицы, объединяющего все белки. Явление разборки с сохранением основной компактности и формы РНК говорит о том, что третичная структура РНК формирует также и пространственный каркас для трехмерного расположения рибосомных белков.

Самосборка

Разборка обратима, и в соответствующих ионных условиях происходит обратная сборка рибосомных частиц с восстановлением их функциональных активностей. Реконструкция рибосомных частиц, как 30S, так и 50S, может быть осуществлена из изолированных рибосомных РНК и полного набора индивидуальных рибосомных белков.

Условиями для самосборки служат: умеренная ионная сила (ниже 0,5), достаточная концентрация Mg^{2+} (от 10 до 30 мМ) и повышенная температура. М. Номура с сотр., осуществившие полную реконструкцию биологически активных 30S субчастиц *E. coli* из индивидуальных РНК и белка, использовали 0,3–0,33 М KCl с 20 мМ $MgCl_2$, инкубируя смесь при 40°C в течение 20 мин. Они нашли, что оптимальной является ионная сила около 0,4. Очевидно, более высокие ионные силы подавляют взаимодействия белков с РНК, а при более низких ионных силах возрастает вклад конкурирующих неспецифических взаимодействий основных белков с отрицательно заряженным полинуклеотидом. Относительно высокая концентрация Mg^{2+} необходима, по-видимому, прежде всего для поддержания третичной и вторичной структуры РНК, служащей каркасом для размещения белков. Вообще, следует отметить, что так называемый «буфер для реконструкции» Номура служит в то же время средой, в которой рибосомная РНК достаточно компактна в изолированном состоянии и поддерживает свою специфическую форму. Повышенная температура оказывается также очень важной для реконструкции и требуется, как считают, для облегчения структурной перестройки промежуточного рибонуклеопротеидного комплекса от менее компактной к более компактной конформации.

Довольно естественно, что в ходе самосборки первыми белками, которые присоединяются к рибосомной РНК из смеси, должны быть независимые РНК-связывающие «сердцевинные» белки. В случае 30S субчастицы *E. coli* это белки S4, S7, S8, S15, S17 и S20 (см. Б. III.5). Вместе с ними присоединяется также белок S16. Присоединение шести белков, а именно S4, S7, S8, S15, S16 и S17 (стадия I, рис. 79), оказывается достаточным, чтобы произошел переход промежуточного рибонуклеопротеида из менее компактного в более компактное состояние (стадия II, рис. 79). По-видимому, именно этот переход требует повышен-

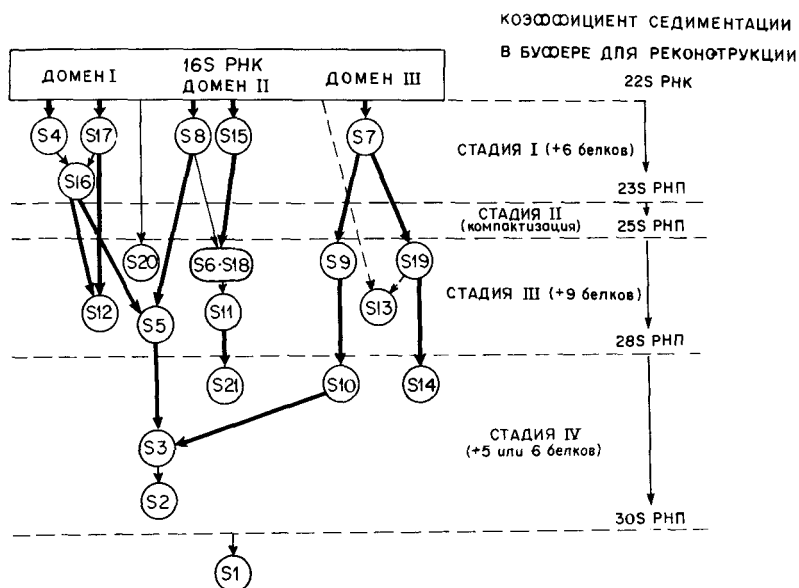


Рис. 79. Схема самосборки рибосомной 30S субчастицы из 16S РНК и 21 белка («карта сборки») (составлена на основании данных М. Номура и сотр.: P Traub, M. Nomura, J. Mol. Biol., 1969, v. 40, p. 391-413; W. A. Held, M. Nomura, Biochemistry, 1973, v. 12, p. 3273-3281; S. Mizushima, M. Nomura, Nature, 1970, v. 226, p. 1214-1218; W. A. Held et al., J. Biol. Chem., 1974, v. 249, p. 3103-3111):

жирные стрелки — сильная зависимость связывания белка от РНК; тонкие стрелки — слабая зависимость (см. подпись к рис. 60); в целях большей ясности и простоты многие слабые зависимости между белками опущены

ной температуры в процессе сборки. В результате перехода 16S РНК практически достигает максимальной компактности своей общей укладки, свойственной ей в составе конечной 30S субчастицы (см. Б.П.4).

Одновременно с вышеуказанными белками, еще до перехода в более компактное состояние, к 16S РНК и к образующемуся комплексу могут присоединяться белки S20, S6-S18, S5, S9, S11, S12, S13 и S19. Тем не менее на рис. 79, дающем схему последовательности и взаимозависимости присоединения белков в процессе реконструкции 30S субчастицы *E. coli*, их включение в рибонуклеопротеид представлено как стадия III самосборки, так как они, даже если присоединены, не строго обязательны для компактизации, и могут присоединяться также и после нее. Кроме того, как видно из схемы, большинство белков, присоединяющихся на этом этапе самосборки, зависит от присутствия предыдущего набора белков. Так, связывание белков S9 и S19 определяется присутствием белка S7 на РНК. Присоединение белков S6-S18 требует присутствия белка S15, а также, по-видимому, в меньшей мере белка S8. В свою очередь, белок S11 зависит от белков S6-S18. Присоединение белка S5 наводится белками S8 и S16. (Еще раз следует подчеркнуть, что

стадии II и III, указанные на схеме самосборки, на самом деле, вероятно, не разделены последовательно, а проходят одновременно, т. е. компактизация и присоединение 9 белков не очень зависят друг от друга и могут идти параллельно; стадия II может быть проведена *in vitro* также и после стадии III.)

Только после компактизации рибонуклеопротеида к комплексу присоединяется последний набор белков, а именно S3, S10, S14, S21, а также S2 и S1 (стадия IV на рис. 79), формируя окончательную биологически активную 30S субчастицу. Кроме необходимости окончательной общей укладки 16S РНК, включение каждого из этих белков требует присутствия белков, присоединившихся на предыдущем этапе. Для связывания белка S10 необходим белок S9, присоединение белка S14 определяется белком S19, белок S3 может включиться только при наличии белков S5 и S10, а белок S21 очень зависит от белка S11. На присоединение белка S2 влияет белок S3, а также, по-видимому, локальная структура рибонуклеопротеида. Самый крупный кислый белок S1 также требует правильной укладки рибонуклеопротеида, и оказалось трудным определить, какие конкретные белки ответственные за его включение.

Из рассмотрения всей схемы реконструкции 30S субчастицы видно, что сборка каждой структурной доли идет более или менее независимо на соответствующем домене 16S РНК. Так, на 5'-концевом домене I собираются белки S4, S16, S17, S20, а также S12, формируя тело субчастицы. Серединный домен II присоединяет белки S8, S15, S6–S18, а также S11 и S21, давая в результате собранную боковую лопасть частицы. 3'-проксимальный домен III с белком S7 включает белки S9, S13 и S19, а затем белки S10 и S14, формируя головку 30S частицы. В то же время, необходимо отметить также междоменные и междолевые взаимодействия. Наиболее характерным является присоединение белка S5, определяемого одновременно доменами I и II и их белками, и белка S3, зависящего от всех трех доменов РНК и их белков. Очень вероятно, что белок S5 занимает место где-то на границе тела субчастицы с ее боковой лопастью, в то время как белок S3 располагается на стыке головки, тела и боковой лопасти 30S субчастицы. (Согласно данным по самосборке и по химическим сшивкам, не приведенным здесь, белок головки S13 также, возможно, непосредственно примыкает к двум другим долям субчастицы.)

Аналогичный анализ самосборки 50S субчастицы *E. coli* из 23S РНК, 5S РНК и 32 белков с выявлением взаимозависимости белков и выделением последовательных этапов также может быть сделан на основании совокупности экспериментальных данных. Все принципиальные закономерности сборки для обеих субчастиц оказались общими.

Имеются все основания полагать, что процесс сборки рибосом *in vivo* протекает в основном по тому же пути, что показан при реконструкции частиц *in vitro*.

Рекомендуемая литература

- Молекулы и клетки: Пер. с англ./Под ред. Г. М. Франка. М.: Мир, 1970. С. 80–92.
Спирин А. С. Рибонуклеиновые кислоты (состав, строение и биологическая роль). XIX Баховские чтения, М.: Наука, 1964.
Спирин А. С., Гаврилова Л. П. Рибосома. М.: Наука, 1971.

Сердюк И. Н., Агаларов С. Ч., Гонгадзе Г. М. и др. О форме и компактности рибосомных РНК и их комплексов с белками в растворе. — Молекул. биол., 1984. Т. 18. С. 244–261.

Спирин А. С., Киселев Н. А., Шакулов Р. С., Богданов А. А. Изучение структуры рибосом: обратимое разворачивание рибосомных частиц в рибонуклеопротеидные тяжи и модель укладки. — Биохимия, 1963. Т. 28, № 5. С. 920–930.

Спирин А. С., Лерман М. И., Гаврилова Л. П., Белицина Н. В. Реконструкция биологически активных рибосом из обедненных белком рибонуклеопротеидных частиц и рибосомного белка. — Биохимия, 1966. Т. 31. С. 424–429.

Chambliss G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. — Baltimore: Univ. Park Press, 1979, p. 267–294.

Chao F. C. Dissociation of macromolecular ribonucleoprotein of yeast. — Arch. Biochem. Biophys., 1957, v. 70, p. 426–431.

Gavrilova L. P., Ivanov D. A., Spirin A. S. Studies on the structure of ribosomes: III. Stepwise unfolding of 50S particles without loss of protein. — J. Mol. Biol., 1966, v. 16, p. 473–489.

Gesteland R. F. Unfolding of *Escherichia coli* ribosomes by removal of magnesium. — J. Mol. Biol., 1966, v. 18, p. 356–371.

Held W. A., Ballon B., Mizushima S., Nomura M. Assembly mapping of 30S ribosomal proteins from *Escherichia coli*. — J. Biol. Chem., 1974, v. 249, p. 3103–3111.

Hosokawa K., Fujimura R., Nomura M. Reconstitution of functioning active ribosomes from inactive subparticles and proteins. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1966, v. 55, p. 198–204.

Lerman M. I., Spirin A. S., Gavrilova L. P., Golov V. F. Studies on the structure of ribosomes. II. Stepwise dissociation of protein from ribosomes by caesium chloride and re-assembly of ribosomelike particles. — J. Mol. Biol., 1966, v. 15, p. 268–281.

Mizushima S., Nomura M. Assembly mapping of 30S ribosomal proteins from *E. coli*. — Nature, 1970, v. 226, p. 1214–1218.

Nomura M., Erdmann V. Reconstitution of 50S ribosomal subunits from dissociated molecular components. — Nature, 1970, v. 228, p. 744–748.

Spirin A. S. Structural transformations of ribosomes (dissociation, unfolding and disassembly). — FEBS Lett., 1974, v. 40, p. S38–S47.

Spirin A. S., Belitsina N. V. Biological activity of the re-assembled ribosome-like particles. — J. Mol. Biol., 1966, v. 15, p. 282–283.

Staehelin T., Meselson M. *In vitro* recovery of ribosomes and of synthetic activity from synthetically inactive ribosomal subunits. — J. Mol. Biol., 1966, v. 16, p. 245–249.

Tissières A., Watson J. D. Ribonucleoprotein particles from *E. coli*. — Nature, 1958, v. 182, p. 778–780.

Traub P., Nomura M. Structure and function of *E. coli* ribosomes. V. Reconstitution of functionally active 30S ribosomal particles from RNA and proteins. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1968, v. 59, p. 777–784.

Vasiliev V. D., Koteliarsky V. E. The 30S ribosomal subparticle retains its main morphological features after removal of half the proteins. — FEBS Lett., 1977, v. 76, p. 125–128.

Часть В

Функционирование рибосомы

Глава I

ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ АКТИВНОСТИ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ УЧАСТКИ РИБОСОМЫ

1. РАБОЧИЙ ЦИКЛ РИБОСОМЫ

Если рассмотреть рибосому в любой момент синтеза пептида в течение элонгации, то можно видеть, что она прикреплена к мРНК (к ее кодирующей части) и обязательно удерживает молекулу пептидил-тРНК (рис. 80). Эта пептидил-тРНК представляет собой растущий пептид, соединенный своим С-концом с тРНК, принесшей последний (к данному моменту) аминокислотный остаток в рибосому. Такая рибосома способна быть или стать компетентной в том, чтобы связывать молекулу аминоацил-тРНК, соответствующую очередному кодону мРНК (рис. 80.I). Связывание аминоацил-тРНК приводит к ситуации, когда удерживаемая пептидил-тРНК и новосвязанная аминоацил-тРНК оказываются одновременно на рибосоме. Их расположение бок о бок и каталитическая активность рибосомы приводят к тому, что между ними происходит реакция транспептидации: С-конец пептидильного остатка от своей тРНК переносится на аминогруппу аминоацил-тРНК (рис. 80.II). В результате на рибосоме образуется новая пептидил-тРНК, где пептид удлинен на один аминокислотный остаток со стороны С-конца, а также деацилированная тРНК. Чтобы рибосома снова могла быть способной связывать следующую аминоацил-тРНК, необходимо произвести некоторые перемещения в рибосоме, в результате которых освободится место для аминоацил-тРНК и установится следующий нуклеотидный триплет (кодон) мРНК (рис. 80.III); этот шаг называется транслокацией.

Итак, рабочий цикл рибосомы в процессе элонгации состоит из трех шагов — кодонзависимого связывания аминоацил-тРНК (шаг I), транспептидации (шаг II) и транслокации (шаг III). Связывание аминоацил-тРНК происходит с участием белка $EF-T_u$, взаимодействующего с рибосомой, и сопровождается гидролизом молекулы ГТФ. Транспептидация катализируется самой рибосомой. Транслокация происходит с участием другого белка, $EF-G$, и тоже сопровождается гидролизом ГТФ.

Согласно классической схеме имеются два участка связывания тРНК на рибосоме — так называемые А-участок и Р-участок. На стадии I аминоацил-тРНК в комплексе с $EF-T_u$ и ГТФ связывается с А-участком и расположенным там вакантным триплетом (кодоном) матрицы. Пептидил-тРНК расположена в этот момент в Р-участке. Связывание аминоацил-тРНК завершается гидролизом ГТФ на рибосоме и освобождением комплекса $EF-T_u \cdot GDP$ и ортофосфата в раствор. На стадии II

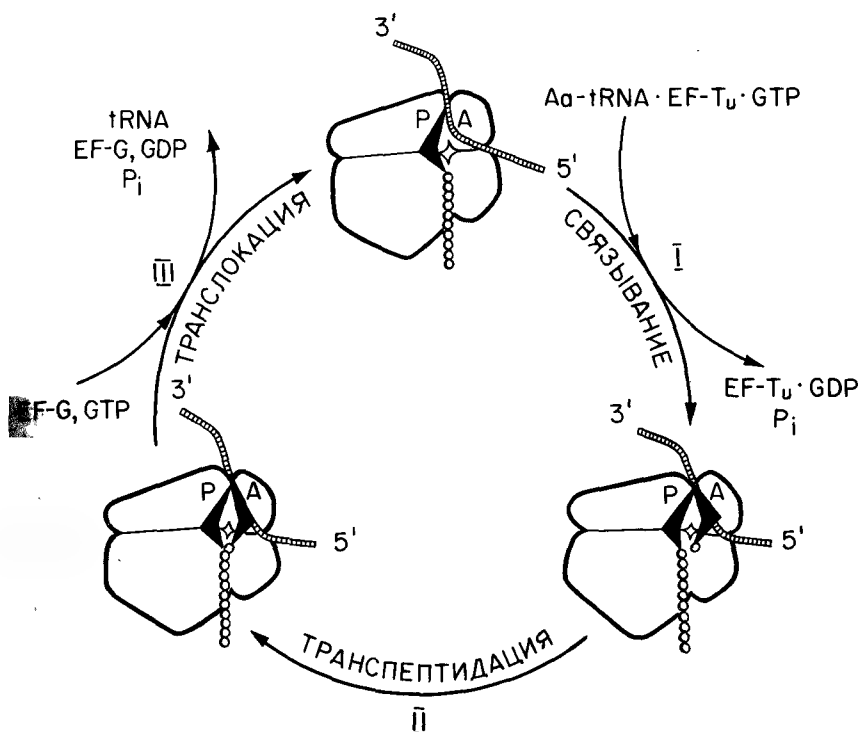


рис. 80. Схема элонгационного цикла рибосомы

аминоацил-тРНК в А-участке реагирует с пептидил-тРНК в Р-участке, так что осуществляется перенос С-конца пептида на аминокацил-тРНК. Теперь удлиненная пептидил-тРНК (точнее ее остаток тРНК) занимает Р-участок, а образовавшаяся деацилированная тРНК — Р-участок. На стадии III рибосома взаимодействует с EF-G и ГТФ, которые катализируют перемещение пептидил-тРНК (ее остатка тРНК) вместе с кодоном матрицы из А-участка в Р-участок и освобождение деацилированной тРНК из Р-участка в раствор. По завершении этого ГТФ гидролизует, и EF-G, ГДФ и ортофосфат освобождаются из рибосомы. В результате снова достигается состояние, когда пептидил-тРНК находится в Р-участке, а в А-участке установлен следующий кодон матрицы, и он готов воспринять следующую аминокацил-тРНК. Трансляция всей кодирующей последовательности матричного полинуклеотида и элонгация полипептида на рибосоме осуществляются повторением именно таких циклов. (Кстати, стадия инициации и стадия терминации трансляции представляют собой не более, чем модификации представленного здесь рабочего элонгационного цикла — см. гл. V.VI и VIII.)

Таким образом, из рассмотрения рабочего цикла видно, что рибосома в процессе трансляции выполняет следующие функции: 1) связывание и удержание мРНК; 2) удержание пептидил-тРНК; 3) связывание аминокацил-тРНК.

ацил-тРНК; 4) связывание белковых факторов трансляции; 5) участие в катализе гидролиза ГТФ; 6) катализ транспептидации; 7) комплекс внутририбосомных перемещений, именуемый транслокацией.

2. ФУНКЦИИ СВЯЗЫВАНИЯ

Связывание и удержание матричного полинуклеотида (мРНК-связывающий участок)

Рибосома имеет собственное сродство к матричным полинуклеотидам. Уже давно известно, что среди синтетических полирибонуклеотидов вакантная рибосома лучше всего связывает полиуридиловую кислоту, на чем и было основано широкое применение поли(У) в качестве матрицы в бесклеточных системах трансляции. Возможно, что отсутствие стабильной вторичной и третичной структуры в поли(У) является существенным фактором ее хорошего связывания с рибосомой. В случае природных мРНК имеются совершенно определенные предпочтительные места на полинуклеотиде, с которыми могут связываться вакантные рибосомы (см. гл. В. VI). В любом случае прочная сплошная двойная спираль вряд ли может служить местом присоединения вакантных рибосом.

В то же время, рибосома в ходе трансляции (элонгации) проходит вдоль всей кодирующей части мРНК и, очевидно, может удерживать ее в любом участке полинуклеотидной последовательности. Здесь следует указать, что рибосома в ходе трансляции расплетает матричный полинуклеотид, так что удерживаемый на рибосоме участок скорее всего лишен собственной вторичной и третичной структуры. В транслирующей рибосоме удержанию мРНК несомненно способствуют кодон-антикодовые взаимодействия с тРНК.

Связываясь с матричным полинуклеотидом и удерживая его в ходе трансляции, рибосома защищает от действия внешних нуклеаз довольно протяженный участок цепи. Еще в ранних опытах с поли(У) было показано, что рибосома покрывает участок длиной около 25 нуклеотидных остатков, делая его недоступным для панкреатической рибонуклеазы. На природной мРНК (РНК фага R17 или f2) рибосомы *E. coli* защищали от нуклеаз участки длиной от 30 до 60 остатков. В последних опытах было показано, что функциональная 70S рибосома, несущая тРНК, защищает от нуклеаз участок матричного полинуклеотида длиной около 45—50 нуклеотидных остатков, причем в пределах защищаемого участка имеется относительно доступная точка, разрыв при которой дает фрагменты длиной 27—30 остатков и около 15—20 остатков. (Из некоторых наблюдений следует, что эта чувствительная точка матрицы находится непосредственно перед кодоном, связанным с тРНК в А-участке рибосомы; защищаемый 15-нуклеотидный фрагмент представляет собой 3'-проксимальную часть, а 30-нуклеотидный фрагмент — 5'-проксимальную часть связанного рибосомой участка матрицы.) Это позволяет думать о большой протяженности мРНК-связывающего участка рибосомы; похоже, что он должен иметь протяженность по крайней мере порядка 10 нм, т. е. масштаба полрибосомы.

Первым вопросом, который встает при попытках локализации любого функционального участка рибосомы, является вопрос о том, локализован ли он на какой-либо одной из двух субчастиц, и если да, то на какой именно, или он организован связывающими центрами обеих субчастиц вместе. Экспериментально, в самом простом случае, этот вопрос решается таким образом: рибосому диссоциируют на большую и малую субчастицы, их разделяют и к каждой из них в отдельности добавляют испытуемый лиганд (в присутствии достаточной концентрации Mg^{2+} , требуемой для любого связывания на рибосоме). Оказалось, что изолированная 30S субчастица связывает матричный полинуклеотид, а 50S субчастица нет. На основании этого в настоящее время принимается, что мРНК-связывающий участок рибосомы локализован только на меньшей (30S или 40S) субчастице.

Для идентификации рибосомных белков, принимающих участие в организации мРНК-связывающего участка 30S субчастицы, использовались различные подходы. В опытах по частичной разборке частиц выяснилось, что мРНК-связывающая способность утрачивается при отделении группы белков S1, S2, S3, S5, S9, S10 и S14; однако реконструкция без любого одного из этих белков давала активные в связывании поли(U) 30S частицы. Вероятно, что большая протяженность мРНК-связывающего участка предполагает многоцентровое связывание мРНК на частице, т. е. участие нескольких точек связывания; тогда исключение любой одной из них может быть не критично для функции. С другой стороны, утрата поли(U)-связывающей способности при отделении всей вышеуказанной группы белков может быть обусловлена нарушением общей структуры соответствующего района рибосомы, а не обязательно удалением главных компонентов активного участка.

Другой подход для выявления белков функциональных участков рибосомы состоит в их так называемом аффинном мечении. Это значит, что соответствующий лиганд, специфически связывающийся с рибосомой — мРНК, тРНК, белковый фактор трансляции, нуклеотид или антибиотик, — содержит химически активную (рис. 81) или фотоактивируемую (рис. 82) группировку, которая атакует рибосомные компоненты, находящиеся в ближайшем окружении, и сшивается с ними; белки, оказавшиеся сшитыми с лигандом, идентифицируются. Для изучения мРНК-связывающего участка рибосомы использовались олигонуклеотидные аналоги мРНК, содержащие или бромацетильные, или 4-[(N-2-хлорэтил-N-метил)амино]-бензилиденные, или фотоактивируемые арилизидные группы (рис. 82,2) на 3'- или 5'-конце, а также фотоактивируемое тиопроизводное поли(U) — поли(s^4U). Кроме того, оказалось возможным фотоактивировать немодифицированные синтетические и природные матричные олиго- и полинуклеотиды [поли(U), MS2 РНК] для их сшивки с рибосомным окружением. Ясно, что с помощью этого подхода, однако, нельзя отличить компоненты, непосредственно формирующие мРНК-связывающий участок, и таковые, находящиеся вблизи него. Среди белков мРНК-связывающего участка 30S субчастицы и/или вблизи него таким путем надежнее всего обнаруживаются белки S1, S3 и S5 (хотя в отдельных работах отмечается еще не менее десятка других белков 30S субчастицы, включая S4, S9, S18). Исходя из междоменного или междо-

того расположения белков S3 и S5 (см. гл. Б.IV, а также Б.V.3), можно думать, что мРНК-связывающий участок локализуется в районе борозды, отделяющих головку, тело и боковую лопасть 30S субчастицы.

Относительно белка S1 известно, что он не строго обязателен для связывания и трансляции поли(U), хотя стимулирует их; он оказался необходимым для связывания и трансляции природных мРНК. Кроме того, обнаружена его собственная способность сильно связываться с полинуклеотидами. Связывание белка S1 с РНК приводит к ослаблению или расплетанию их вторичной структуры. Принимая во внимание также соседство белка S1 с мРНК на рибосоме, можно предполагать его прямую причастность к мРНК-связывающему участку.

Химически активные аналоги мРНК сшиваются не только с белками 50S субчастицы, но и с ее 16S РНК, а некоторые из них преимущественно с 16S РНК. Опять-таки не ясно, означает ли это участие рибосомной РНК в связывании мРНК или отражает простое соседство определенных районов 16S РНК с мРНК-связывающими центрами. Можно указать, что очень близко от кодона мРНК в Р-участке или в непосредственном контакте с ним находится неспаренный район 16S РНК между доменом III и длинной составной шпилькой (спирали 57—58) 3'-концевой последовательности (см. рис. 42). Кроме того, при инициаторном связывании вакантной рибосомной частицы с природной мРНК полипуриновый блок последней, по-видимому, комплементарно спаривается с полипиримидиновой последовательностью у самого 3'-конца 16S РНК (см. Б.VI.4). Разумеется, с началом элонгации эта связь исчезает.

Для того чтобы прямо локализовать мРНК-связывающий участок на морфологически видимой поверхности рибосомы, было предпринято иммуоэлектронно-микроскопическое исследование 30S рибосомных субчастиц и 70S рибосом, связанных с короткими поли(U), несущими таптен, пришитый к 3'- или 5'-концу. Использование этого подхода позволило локализовать концы матричного полинуклеотида в районе желобка, отделяющего головку от тела 30S субчастицы, на ее внешней (обращенной от 50S субчастицы) стороне и вблизи бокового выступа.

Из совокупности данных создается впечатление, что цепь мРНК связывается и проходит по 30S субчастице где-то между ее долями или между доменами ее РНК. Очень вероятно, что это район желобка, отделяющего головку от боковой лопасти и головку от тела. В этом протяженном районе находятся как 3'-конец 16S РНК, так и белки S3 и S5 (см. Б.IV.2 и 3; Б.V.3), а также, вероятно, черешок домена III 16S РНК и белок S1. Сшивки химически активных аналогов мРНК с компонентами 50S субчастицы указывают на близость к мРНК таких белков, как L1 и L7/L12, находящихся с двух разных сторон прямо напротив борозды, отделяющей головку от боковой лопасти и головку от тела 30S субчастицы, соответственно (см. раздел Б.IV.2 и рис. 67).

Как бы то ни было, общие соображения заставляют предполагать, что ассоциация матричного полинуклеотида с рибосомой допускает сравнительно легкое скольжение цепи полинуклеотида вдоль мРНК-связывающего участка. Во всяком случае, это, по-видимому, требуется для последовательного прочитывания цепи мРНК при трансляции. Положение остатков тРНК в рибосоме и возможная траектория их

перемещений при транслокации (см. раздел В.IV.8) могут служить указанием на то, что мРНК скользит от стороны с боковой лопастью, примыкающей к белку L1, к противоположной стороне 30S субчастицы, примыкающей к белку L7/L12, как изображено на рис. 83.

Удержание пептидил-тРНК или деацилированной тРНК (тРНК-связывающий Р-участок)

Рибосома имеет собственное сродство к тРНК. Вакантная рибосома может связывать любую тРНК или ее производное (аминоацил-тРНК, пептидил-тРНК) в отсутствие матричного полинуклеотида. Присутствие матричного полинуклеотида делает это связывание специфическим, т. е. в этом случае будет связываться лишь тРНК, соответствующая кодону матрицы. Во всех случаях при связывании тРНК с вакантной рибосомой в первую очередь заполняется тот тРНК-связывающий участок, который в транслирующей рибосоме занят пептидил-тРНК до транспептидации или деацилированной тРНК после транспептидации (см. рис. 80), обозначаемый как Р-участок. Сродство Р-участка вакантной 70S рибосомы *E. coli* с матричным полинуклеотидом к тРНК оценивается константой связывания порядка $10^7 - 10^9 \text{ M}^{-1}$, в зависимости от концентрации Mg^{2+} , ионной силы и температуры (сродство повышается с увеличением концентрации Mg^{2+} , уменьшением ионной силы и уменьшением температуры).

Удержание тРНК в Р-участке **транслирующей рибосомы** имеет важную особенность. Дело в том, что пептидил-тРНК не должна обмениваться со средой, пока идет трансляция. Соответственно, когда в Р-участке транслирующей рибосомы сидит пептидил-тРНК, она, по-видимому, не находится в равновесии со средой (скорость диссоциации очень мала), а скорее каким-то образом окклюдирована. Наоборот, когда в результате транспептидации в Р-участке оказывается деацилированная тРНК, участок становится обмениваемым, и тРНК может освобождаться. Обусловлено ли неравновесное удержание пептидил-тРНК в Р-участке транслирующей рибосомы вкладом пептидильного остатка (который, может быть, окклюдирован рибосомной частицей, пока не произошла терминация) или же это свойство самого Р-участка **посттранслокационной рибосомы**, неизвестно.

Разделение рибосомных субчастиц и проверка возможности локализации тРНК-связывающего участка на одной или на другой показали, что **обе** рибосомные субчастицы обладают некоторым сродством к тРНК. Правда, способностью к кодонспецифическому связыванию тРНК обладает лишь изолированная малая (30S или 40S) субчастица рибосомы, и это понятно, так как только она может связывать и удерживать матричный полинуклеотид. Зато в результате диссоциации транслирующих рибосом пептидил-тРНК часто остается присоединенной к большой (50S или 60S) субчастице. В настоящее время имеются все основания считать, что тРНК-связывающий Р-участок образован при участии обеих рибосомных субчастиц.

Уже в первых опытах по частичной разборке 30S субчастицы было показано, что удаление группы белков S1, S2, S3, S5, S9, S10

S14 лишает ее не только мРНК-связывающей, но и тРНК-связывающей активности. При реконструкции для восстановления РНК-связывающей активности необходимыми из них оказались прежде всего белки S10 и S14, а также S3. В дальнейших опытах по полной реконструкции 30S субчастиц наиболее критичными для восстановления функции связывания тРНК оказались те же белки S10 и S14 и в меньшей степени — белки S3, S9, S11 и S19. (Кстати, отсутствие белка S1 никак не сказалось на тРНК-связывающей способности рибосом, а отсутствие белка S2 сказывалось мало).

В соответствии с этим, добавление белков S3 и S14 к препаратам рибосом особенно стимулировало их тРНК-связывающую способность — вероятно, за счет восстановления тРНК-связывающих участков, частично поврежденных в ходе выделения частиц (ведь эти белки сравнительно легко отмываются). Было не ясно, однако, насколько перечисленные белки причастны к формированию именно Р-участка, а не А-участка рибосомы.

Метод аффинного мечения мог бы дать более избирательную информацию, так как те или иные химически активные или фотоактивируемые аналоги тРНК (рис. 81 и 82,1) можно поместить именно в Р-участок, проконтролировать это связывание и затем, после сшивки, идентифицировать белки, примыкающие к тРНК. Еще лучше было бы использовать прямую сшивку тРНК, сидящую в Р-участке, с ее непосредственно соседними компонентами с помощью ультрафиолетового излучения. Первые результаты, хотя и несколько противоречивые, указали на непосредственное соседство таких белков 30S субчастицы, как S5, S9, S10 и S11, с неспаренными основаниями внутренней части полинуклеотидной цепи тРНК в Р-участке. Кроме того, белки 50S субчастицы, такие как L7/L12, L11, L27, также обнаруживали контакт с полинуклеотидной цепью тРНК. Сшивки отмечались и с рибосомными РНК, и, в частности, антикодоновая петля тРНК в Р-участке может быть сшита ультрафиолетом с 16S РНК в районе 1400-го нуклеотида, пограничным между доменом III и 3'-концевой частью.

К сожалению, окончательные суждения о белках тРНК-связывающего Р-участка и о его локализации на рибосоме из имеющихся данных сделать никак нельзя. Тем не менее, сопоставляя их с данными по белкам и по локализации мРНК-связывающего участка, можно предполагать, что антикодоновая ветвь L-образной молекулы тРНК связывается с 30S субчастицей в районе борозды, отделяющей голов-

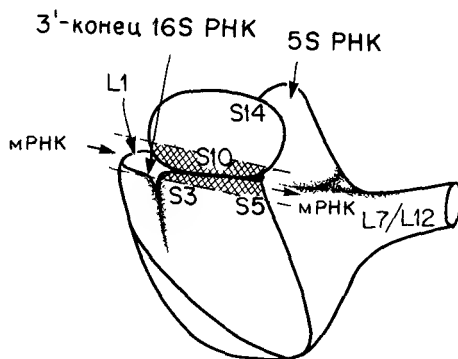


Рис. 83. Схема приблизительного расположения мРНК-связывающего участка (заштрихованная область) на рибосоме. (Белки S3, S5 и S10, по-видимому, участвуют в его формировании или непосредственно примыкают к нему.)

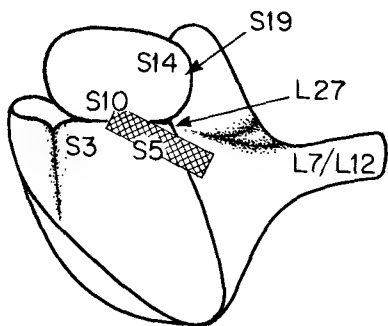


Рис. 84. Схема возможного расположения тРНК (заштрихованная область) в Р-участке рибосомы

50S субчастицы (см. ниже). Схематически возможное положение тРНК в Р-участке 70S рибосомы дано на рис. 84 (еще раз надо подчеркнуть, что фактические основания для такой локализации Р-участка пока зыбкие и схему надо рассматривать как гипотетическую).

Связывание аминоксил-тРНК (тРНК-связывающий А-участок)

Когда Р-участок заполнен (все равно — либо деацилированной тРНК, либо пептидил-тРНК, либо аминоксил-тРНК), рибосома может связывать вторую молекулу тРНК. Это связывание происходит по другому тРНК-связывающему участку, который обозначается как А-участок. Связывание по А-участку сильно стимулируется матричным полинуклеотидом, и тогда оно является кодонспецифическим, т. е. связывается лишь тРНК, соответствующая установленному там кодону. Сродство тРНК к А-участку приблизительно на порядок величины ниже, чем к Р-участку. Аминоксил-тРНК имеет несколько большее сродство к А-участку, чем деацилированная тРНК. Однако в процессе естественной трансляции связывание аминоксил-тРНК значительно усиливается участием белка (фактора элонгации) EF-T_u, который комплексируется с ней только при наличии свободной аминогруппы и сопровождает ее на первых стадиях.

Как и в случае Р-участка, А-участок, очевидно, также формируется обеими рибосомными субчастицами. Так или иначе, антикодон тРНК должен лежать там, где располагается кодон мРНК, т. е. на малой (30S или 40S) субчастице, а акцепторный конец должен взаимодействовать с пептидилтрансферазным центром, т. е. с большой (50S или 60S) субчастицей.

Данные об участии конкретных рибосомных компонентов в организации тРНК-связывающего А-участка еще более скудны, чем в отношении Р-участка, так как эксперименты с ним труднее.

Дело в том, что на вакантной рибосоме А-участок оказывается невозможным тестировать: он не заполняется, пока не заполнен Р-участок. Поэтому для тестирования А-участка рибосоме надо специально подготовить путем заполнения Р-участка. С другой стороны, связывание аминоацил-тРНК с А-участком, когда Р-участок заполнен пептидил-тРНК или N-блокированной аминоацил-тРНК, приводит к немедленной транспептидации, так что

зафиксировать нужное состояние оказывается непросто. Имеются и другие трудности при экспериментировании с А-участком. Одним из первых наиболее четких указаний на причастность или соседство конкретного белкового компонента рибосомы к А-участку было получено в опытах, когда Р-участок поли(У)-программированной рибосомы был предварительно занят ацетилфенилаланил-тРНК, а в А-участке была связана фенилаланил-тРНК с *пара*-азидофенацильной группой, присоединенной к s^4U8 центрального района (угла) тРНК. Фотоактивация такого комплекса дает в результате уникальную сшивку центрального района (угла) тРНК с белком S19. Из стереохимии аффинной метки и ее положения на тРНК следует, что контакт угла L-образной тРНК с белком S19 должен осуществляться с правой стороны молекулы, если смотреть с внешней стороны угла на тРНК антикодоном вверх. Принимая приблизительно положение белка S19 на головке 30S субчастицы между белками S13 и S14 (см. рис. 68) и помещая антикодоновую ветвь тРНК на 30S субчастицу, а акцепторную ветвь на 50S субчастицу, можно расположить L-образную молекулу тРНК в А-участке так, как показано на рис. 85. В этом положении угол тРНК должен иметь контакт как с головкой 30S субчастицы, так и с головкой 50S субчастицы. Действительно, имеется ряд косвенных данных о возможном участии 5S РНК-белкового комплекса, входящего в состав головки 50S субчастицы, в связывании тРНК с А-участком.

В целом, при рассмотрении электронно-микроскопического изображения 70S рибосомы или ее соответствующей модели можно видеть, что у основания L7 / L12-стержня сформирован карман (или полость), ограниченный незакрытой вогнутой поверхностью 50S субчастицы и боковой вогнутой поверхностью 30S субчастицы (см. рис. 39 и 40). Как борозда, отделяющая головку от тела 30S субчастицы, так и борозда между головкой и телом 50S субчастицы открываются в этот карман. Соблазнительно думать, что именно этот карман является местом обоих тРНК-связывающих участков, как это и представ-

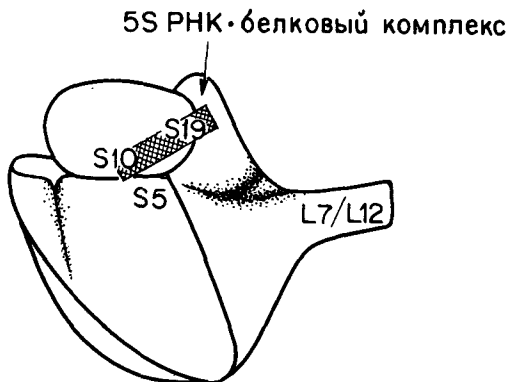


Рис. 85. Схема возможного расположения тРНК (заштрихованная область) в А-участке рибосомы

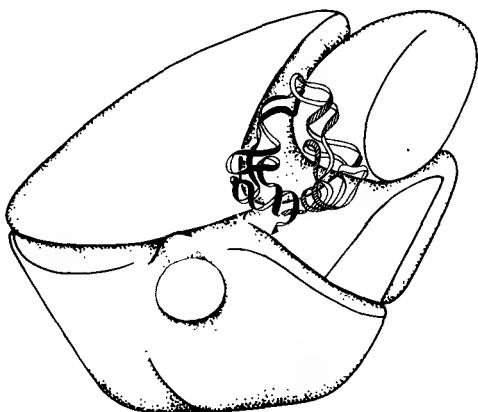


Рис. 86. Контурный рисунок модели 70S рибосомы с двумя тРНК, занимающими А- и Р-участки (по А. S. Spirin, FEBS Lett., 1983, v. 156, p. 217–221)

лено в вышеприведенном изложении. Масштабный рисунок модели расположения двух L-образных тРНК в этом кармане дан на рис. 86. Согласно модели, антикодоны двух тРНК находятся в желобке между головкой и телом 30S субчастицы на ее открытой стороне, а акцепторные концы попадают в район желобка, разделяющего головку и тело 50S субчастицы на контактирующей ее поверхности (в этом районе предполагается локализация пептидилтрансферазного центра — см. В.1.3); центральные части двух тРНК заполняют рассмотренный карман 70S рибосомы.

Следует сказать, что имеется и альтернативная модель, где тРНК-связывающий А-участок, как и Р-участок, расположен на рибосоме со стороны боковой лопасти малой рибосомной субчастицы.

Связывание белковых факторов трансляции и ГТФ (факторсвязывающий участок)

В процессе элонгации транслирующая рибосома периодически связывает и освобождает (один раз в каждом цикле) белок EF-T_u и белок EF-G (у эукариот EF-1 и EF-2, соответственно). Связывание происходит всегда в комплексе с ГТФ, а освобождение в результате гидролиза ГТФ до ГДФ и ортофосфата. Связывание и освобождение EF-T_u осуществляется на стадии связывания аминокил-тРНК, а связывание и освобождение EF-G — на стадии транслокации. Кроме того, в процессе инициации трансляции происходит связывание с рибосомой белка IF-2 с ГТФ (eIF-2 в случае эукариот) и его освобождение в результате гидролиза ГТФ. Наконец, в процессе терминирования трансляции рибосома связывает и освобождает, также при участии ГТФ, белок RF. Все эти белки, взаимодействующие с рибосомой только в виде комплексов с ГТФ, присоединяются, по-видимому, к одному и тому же району рибосомной частицы. Скорее всего, их участки связывания либо идентичны, либо перекрывающиеся. Во всяком случае, все перечисленные белки конкурируют друг с другом за место посадки на рибосому и никак не могут присутствовать на ней одновременно.

Так как все перечисленные белки после присоединения к рибосоме быстро освобождаются в результате гидролиза ГТФ, то изучение их связывания в опытах *in vitro* удобнее всего проводить, заменив ГТФ его нерасщепляемым аналогом, таким как гуанилилметилendifосфонат (GMP-PCP) или гуанилилимидодифосфат (GMP-

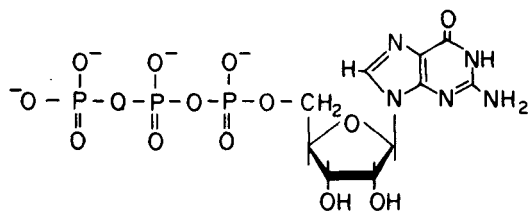
PNP) (рис. 87). Комплекс белка с таким аналогом взаимодействует с рибосомой и задерживается на ней.

Связывание белка EF-G с 70S рибосомой изучено, пожалуй, лучше всего. EF-G с GMP-PCP может образовывать комплекс как с транслирующей, так и с вакантной рибосомой. EF-G с ГТФ также взаимодействует как с транслирующей, так и с вакантной рибосомой, но не задерживается на них, так как ГТФ расщепляется, и EF-G с ГДФ освобождается. Однако в присутствии антибиотика фузидовой кислоты (см. рис. 109) EF-G сохраняет сродство к рибосоме также и после расщепления ГТФ и, соответственно, задерживается на рибосоме. Точно так же, как и полная рибосома, ведет себя изолированная 50S субчастица: EF-G с GMP-PCP или EF-G с ГТФ (точнее, с продуктом его расщепления ГДФ) в присутствии фузидовой кислоты образует с ней довольно стабильный комплекс; EF-G с ГТФ взаимодействует с 50S субчастицей, давая в результате расщепление ГТФ и освобождение EF-G с ГДФ. Взаимодействие EF-G с изолированной 30S субчастицей не обнаруживается. Следовательно, участок связывания EF-G формируется в основном 50S субчастицей рибосомы.

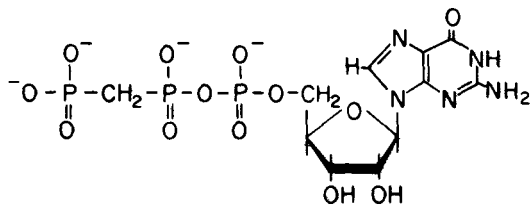
Для идентификации белковых компонентов 50S субчастицы, формирующих факторсвязывающий участок, были использованы, в частности, антитела против различных рибосомных белков. Оказалось, что только антитела против белка L7/L12 ингибировали связывание EF-G, в то время как антитела против большого разнообразия других белков не влияли на эту функцию. Первоначально из этих опытов был сделан вывод, что местом присоединения EF-G является белок L7/L12. Действительно, избирательное удаление белка L7/L12 из 50S субчастицы (с помощью диссоциации 0,5 М NH_4Cl с этанолом) приводило к значительному падению связывания EF-G с рибосомой. Однако сродство не исчезало совсем, а лишь уменьшалось. Было показано, что даже при полном отсутствии белков L7/L12 на рибосоме EF-G способен, хотя и гораздо менее эффективно, не только связываться, но и осуществлять свои функции в гидролизе ГТФ и в транслокации. Следовательно, белок L7/L12 лишь помогает связыванию EF-G, а основным связывающим компонентом, ввиду отсутствия других причастных белков, должна быть рибосомная РНК. В прямых экспериментах это было подтверждено: было найдено специфическое сродство определенного района 23S РНК к EF-G.

Известно, что антибиотик тиострептон, препятствующий связыванию EF-G (так же как и EF-T_v) с 50S субчастицей, присоединяется в районе локализации белка L11 и защищаемой им последовательности 23S РНК 1052–1112, представляющей собой составную шпильку, с большой боковой петлей, в домене II (см. рис. 45). Кажется вероятным, что этот район 23S РНК находится вблизи места связывания EF-G с 50S субчастицей.

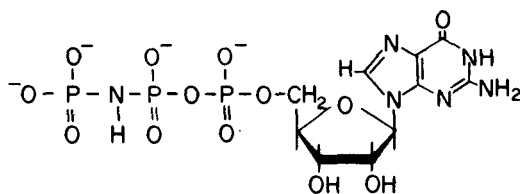
Следует отметить, что хотя узнавание и связывание EF-G в основном, по-видимому, обеспечивается 50S субчастицей рибосомы, фактор контактирует также и с 30S субчастицей. В частности, белок S12 легко может быть сшит дисульфидной связью с EF-G при окисле-



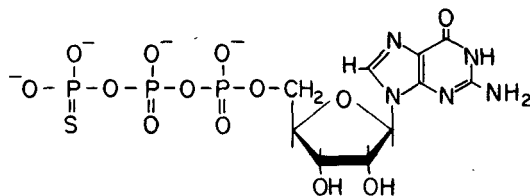
GTP



GMP-PCP



GMP-PNP



GTP (γ S)

Рис. 87. ГТФ и его нерасщепляемые и медленно расщепляемые аналоги, используемые для изучения функций факторов трансляции и рибосомы:

GTP — гуанозин-5'-трифосфат; GMP-PCP — нерасщепляемый аналог 5'-гуанилилметилendifосфонат; GMP-PNP — очень медленно расщепляемый аналог 5'-гуанилилимидодифосфат; GTP (γ S) — медленно расщепляемый аналог гуанозин-5'-(γ -тио) трифосфат

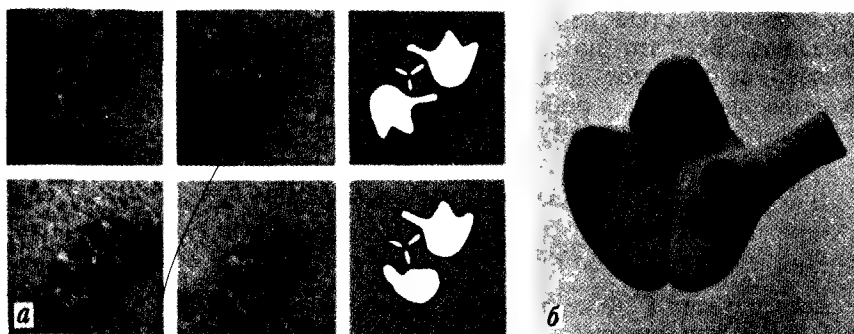


Рис. 88. Электронные микрофотографии рибосомных 50S субчастиц с присоединенным EF-G, прореагировавших с антителами против EF-G (а), и фотография модели 50S субчастицы с обозначением (черный кружок) приблизительного местоположения EF-G на субчастице (б) (предоставлены В. Д. Васильевым, Институт белка АН СССР, Пушкино)

нии комплекса EF-G с 70S рибосомой. Это говорит о локализации EF-G где-то у границы раздела между рибосомными субчастицами.

Прямая локализация места присоединения EF-G на 50S субчастице была сделана с помощью метода иммунной электронной микроскопии. Для этого было получено фотоактивируемое (арилазидное) производное EF-G (см. рис. 82,4) и сначала специфически присоединено к частице в присутствии ГТФ и фусидовой кислоты; затем путем облучения была образована ковалентная сшивка между EF-G и местом его прикрепления. 50S субчастицы с таким ковалентно закрепленным белком EF-G были обработаны антителами против EF-G и комплексы изучены с помощью электронной микроскопии. На рис. 88 видно, что место присоединения антитела указывает на район у основания L7 / L12-стержня на контактирующей поверхности 50S субчастицы. Следовательно, EF-G-связывающий участок расположен в этом районе.

Другой белок — EF-T_u — поступает на рибосому в виде комплекса Aa-tRNA · EF-T_u · GTP. В составе такого комплекса он взаимодействует с рибосомой, и можно показать, что место его взаимодействия — 50S субчастица. Присутствие EF-G на 50S субчастице препятствует взаимодействию EF-T_u с рибосомой, откуда можно заключить, что EF-T_u-связывающий участок совпадает или перекрывается с EF-G-связывающим участком. Как и в случае EF-G, антитела против белка L7 / L12, и только они, ингибируют взаимодействие EF-T_u с рибосомой. Удаление белка L7 / L12 сильно уменьшает взаимодействие EF-T_u с рибосомой, но не исключает его полностью, и EF-T_u может выполнять свои функции на рибосомах без белка L7 / L12, хотя не так эффективно; следовательно, EF-T_u, по-видимому, тоже связывается с 23S РНК.

Фактор инициации IF-2 и фактор терминации RF тоже конкурируют как с EF-T_u, так и с EF-G за место посадки. Их взаимодействие с рибосомой также зависит от присутствия белка L7 / L12

и также полностью не исключается, когда белка L7 / L12 на рибосоме нет. Все это позволяет думать, что существует общность в присоединении всех факторов трансляции, использующих ГТФ в качестве эффектора, к рибосоме, и что рибосома имеет единый фактор-связывающий район вблизи L7 / L12-стержня на 50S субчастице.

3. КАТАЛИТИЧЕСКИЕ ФУНКЦИИ

ГТФаза

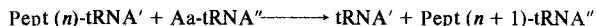
Во всех случаях ГТФ связывается фактором трансляции (EF-T_u, EF-G, IF-2, RF-2 или их эукариотическими аналогами) до его присоединения к рибосоме. Поэтому очевидно, что ГТФ-связывающий центр должен находиться на самом факторе. Однако гидролиз связанного ГТФ до ГДФ и ортофосфата происходит после присоединения фактора к рибосоме. Другими словами, для ГТФазной активности нужны как факторный белок, так и рибосома, в их комплексе. Присоединение фактора с ГТФ к рибосоме вызывает гидролиз ГТФ. Отсюда было бы логично предполагать, что ГТФазный центр формируется совместно факторным белком и рибосомой.

До сих пор, однако, окончательно не ясно, так это или нет. Сомнения в том, что это так, порождаются двумя группами фактов. Во-первых, в ряде опытов с фотоактивируемыми аналогами ГТФ (см. рис. 82,3) было показано, что если после образования комплекса рибосома · EF-G · GTP индуцировать химическую сшивку ГТФ с окружающими группами, то атакуется преимущественно EF-G, но не компоненты рибосомы, независимо от того, к какой части ГТФ прикреплена фотоактивируемая группа. Во-вторых, был найден агент — антибиотик кирромицин (см. рис. 96), — который индуцировал собственную ГТФазную активность EF-T_u, без рибосомы. Поэтому сейчас более принята точка зрения, что присоединение фактора к рибосоме активирует собственный ГТФазный центр фактора, а сама рибосома не имеет ни готового ГТФазного центра, ни какого-либо компонента ГТФазного центра фактора.

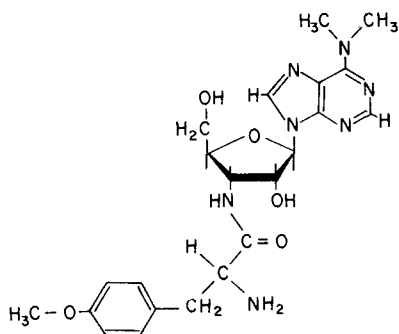
Несмотря на указанные факты, все-таки пока нельзя исключить той возможности, что ГТФазный центр фактора не вполне завершен и какие-то компоненты рибосомы (возможно даже рибосомная РНК) принимают прямое участие в его завершении.

Пептидилтрансфераза

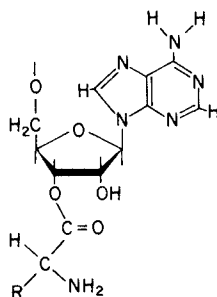
Главная каталитическая активность рибосомы, ответственная за весь синтез полипептидной цепи, есть ее пептидилтрансферазная активность. В транслирующей рибосоме реакция транспептидации протекает между пептидил-тРНК и аминоксил-тРНК:



В этой реакции пептидил-тРНК является донорным субстратом, а аминоксил-тРНК — акцепторным субстратом.



ПУРОМИЦИН



АМИНОАЦИЛИРОВАННЫЙ
3'-КОНЕЦ тРНК

Рис. 89. Антибиотик пурамицин (слева) как аналог аминокислотного 3'-концевого аденозина аминокислот-тРНК (справа).

Однако рибосома может катализировать транспептидацию не обязательно только между этими природными субстратами. Антибиотик пурамицин оказался прекрасным низкомолекулярным акцепторным субстратом реакции. Действительно, по своей химической природе он является аналогом аминокислотного 3'-концевого аденозина молекулы аминокислот-тРНК (рис. 89); его особенностями являются диметилированная NH_2 -группа при 6-м атоме аденинового остатка, метилированная оксигруппа тирозина как аминокислотного остатка и амидная связь вместо сложноэфирной между рибозой и аминокислотным остатком. Добавление пурамицина к транслирующим рибосомам приводит к тому, что антибиотик как акцепторный субстрат реагирует с донорным субстратом в пептидилтрансферазном центре рибосомы:



Таким образом, пептидил оказывается переброшенным не на аминокислот-тРНК, а на низкомолекулярное соединение, не удерживаемое прочно в рибосоме; в итоге пептидилпурамицин освобождается из рибосомы, т.е. пурамицин приводит к аборту растущего пептида.

Использование пурамицина сыграло большую роль в изучении пептидилтрансферазного центра рибосомы. Прежде всего, с его помощью удалось установить, на какой из двух рибосомных субчастиц локализован пептидилтрансферазный центр. Известно, что изолированная 50S субчастица может удерживать на себе пептидил-тРНК, а также лабильно взаимодействовать с 3'-концевыми фрагментами N-блокированных аминокислот-тРНК как донорными субстратами. Если к таким 50S частицам с пептидил-тРНК или ее аналогом добавить пурамицин, то между ними идет пептидилтрансферазная реакция. Следовательно, пептидилтрансферазный центр целиком локализован на 50S субчастице (или на 60S субчастице у эукариот).

Малая (30S или 40S) субчастица никакого вклада в катализ реакции не вносит.

Субстратами собственно пептидилтрансферазного центра рибосомы являются, как было показано, не целиком пептидил-тРНК и аминок-аил-тРНК, а лишь 3'-концевые части тРНК с примыкающими аминок-аильными остатками. В отношении акцепторного субстрата это ясно уже из рассмотрения структуры пуромицина. Кроме пуроми-цина, хорошим акцепторным субстратом может быть ряд аминок-аил-аденозинов (A-Phe, A-Tyr, A-Lys, A-Met, A-Ala, и др.), хотя pA-Aa и особенно CpA-Aa обычно еще более активны. Донорными субстрата-ми могут быть pA-(Ac-Aa) или pA-(F-Aa), а еще лучше CpCpA-(Ac-Aa) или CpCpA-(F-Aa). Поэтому, если к изолированным вакантным 50S субчастицам добавить такие аминок-аилолигонуклеотиды, как CpCpA-(F-Met) и пуромицин или A-Phe, то 50S субчастица будет работать как обычный фермент, катализируя реакцию транспептидации между низкомолекулярными субстратами:



Оба продукта на 50S субчастице не удерживаются и сразу появля-ются в растворе.

Естественно, что неоднократно предпринимались настойчивые попытки выделить «фермент» из 50S субчастицы, т. е. найти рибосом-ный белок, ответственный за катализ транспептидации. Однако ни в одном случае изолированные белки такой активностью не обладали. Было решено, что ферментная белковая структура, состоящая, возмож-но, из нескольких белков, интегрирована в 50S субчастице так, что при выделении белков она разрушается.

Различные аналоги пептидил-тРНК и аминок-аил-тРНК, несущие химически активную или фотоактивируемую группу на аминок-аильном остатке при 3'-конце тРНК (см. рис. 81 и 82,1), такие как различные N^α-бромацетиламиноаил-тРНК, N^ε-бромацетилилизил-тРНК, N-(*para*-нитрофеноксикарбонил)-фенилаланил-тРНК, N-(2-нитро-4-азидофенил)-глицилфенилаланил-тРНК и другие, были использованы как аффинные метки для идентификации белков в районе пептидил-трансферазного центра. В большинстве опытов наиболее интенсивные сшивки образовывались с белками L2 и L27; белки L6, L11, L16, L18 и L33 также часто отмечались как сшиваемые соседи субстратов пептидилтрансферазного центра.

В опытах по частичной разборке и реконструкции 50S субчастиц критичными для пептидилтрансферазной активности были белки L6, L11 и L16; их добавление к производным 50S субчастицы, лишенным более трети исходных белков, восстанавливало активность. Однако позже выяснилось, что добавление только одного белка L16, но в большом избытке, тоже восстанавливает пептидилтрансферазную активность; оказалось, что белки L6 и L11 лишь помогают белку L16 прочно встроиться в частицу. Далее были получены данные, еще более подтверждавшие ключевую роль белка L16 в организации пептидилтрансферазного центра: химическая модификация его гистиди-нового остатка инактивировала пептидилтрансферазу. Тем не менее,

конец концов оказалось, что и встроенный белок L16 не является пептидилтрансферазой или ее активным участком: в модифицированных ионных условиях при наличии других белков 50S субчастицы без белка L16 проявляют хорошую пептидилтрансферазную активность.

В то же время, опыты с аффинным мечением пептидилтрансферазного центра активными аналогами аминокислот-тРНК или пептидил-РНК неоднократно указывали, что хотя белки действительно часто обнаруживаются как сшиваемые соседи, но рибосомная 23S РНК является наиболее предпочтительной мишенью. Сшивки преимущественно с 23S РНК были получены во многих опытах, включая пионерскую работу Д. Г. Кнорре и А. С. Гиршовича с сотрудниками, впервые применившими принцип аффинного мечения для изучения функциональных центров рибосомы. Идентификация места сшивки акцепторного конца тРНК, несущего фотоактивируемую метку, с 23S РНК, а также нуклеотидные замены в 23S РНК при мутациях, затрагивающих пептидилтрансферазный центр, указывают на его положение в районе эволюционно консервативной последовательности 2450—2600 предпоследнего домена (домен V) (см. рис. 45). Нельзя исключать, что пептидилтрансферазный центр организован преимущественно 23S РНК, а не белками. Однако на сегодняшний день более осторожной точкой зрения является предположение о совместном участии 23S РНК (домена V) и некоторых белков 50S субчастицы в организации пептидилтрансферазного центра.

Локализация пептидилтрансферазного центра на морфологически видимой поверхности 50S субчастицы может быть сделана на основании знания того, с какими белками комплексирована последовательность 2450—2600 домена V 23S РНК, при условии, если положения этих белков известны из иммуноэлектронной микроскопии. Известно, что с этой последовательностью связан белок L6, который локализован с помощью иммуноэлектронной микроскопии у основания L7 / L12-стержня. Действительно, согласно данным по химическим сшивкам бифункциональными реагентами, белок L6 является соседом белков L7 / L12, L10 и L11, расположенных в стержне и его основании. С другой стороны, пептидилтрансферазный центр должен соседствовать с головкой (центральный протуберанцем) 50S субчастицы, так как район 23S РНК, который связывает 5S РНК-белковый комплекс и, следовательно, входит в состав головки (последовательность 2250—2350), и район, который участвует в формировании пептидилтрансферазного центра (последовательность 2450—2600), — близкие части одного и того же домена V (третья, 5'-проксимальная часть этого же домена 23S РНК связывает белок L1, расположенный на боковой лопасти 50S субчастицы). Это подтверждается тем фактом, что такой белок 5S РНК-белкового комплекса и, следовательно, головки, как L18, обнаруживается среди компонентов, реагирующих с активными аналогами субстратов пептидилтрансферазного центра. Другие белки, реагирующие с активными аналогами субстратов, такие как L2, L11 и L16, являются соседями 5S РНК-белкового комплекса, как следует из их сшивок бифункциональными реагентами либо с белком L5, либо с белком L25.

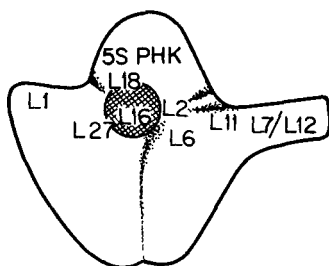


Рис. 90. Схема приблизительного расположения пептидилтрансферазного центра (заштрихованная область) на контактирующей поверхности рибосомной 50S субчастицы

Иммуноэлектронно-микроскопические наблюдения, где использовались антитела против пуромицина, ковалентно фиксированного в пептидилтрансферазном центре, также указывали на его положение у головки (центрального протуберанца) 50S субчастицы, но скорее с другой стороны, а именно со стороны L1 ребра (хотя нельзя исключать, что последнее могло бы быть артефактом вследствие искажения положения антитела при специфической ориентации 50S субчастицы — контактирующей стороной к подложке). В целом можно утверждать, что пептидилтрансферазный центр на 50S субчастице должен быть расположен на ее кон-

тактирующей (вогнутой) поверхности, где-то совсем рядом с головкой (центральным протуберанцем), скорее всего в районе желобка, отделяющего головку от остального тела.

Схематически вероятное положение пептидилтрансферазного центра на 50S субчастице показано на рис. 90.

4. ФУНКЦИИ ПЕРЕМЕЩЕНИЙ ЛИГАНДОВ (ТРАНСЛОКАЦИЯ)

В рабочем цикле рибосомы после реакции транспептидации имеют место одновременные перемещения ее трех крупных лигандов — мРНК, пептидил-тРНК и деацилированной тРНК. Это может быть названо механической функцией рибосомы. Ни одна из изолированных рибосомных субчастиц не обладает, по-видимому, такой функцией, даже частично. Вероятно, механическая функция является следствием именно двухсубчастичного строения рибосомы.

Естественно, что в поисках молекулярных механизмов, ответственных за направленные перемещения крупных лигандов, необходимо обратить внимание прежде всего на возможности крупномасштабных перемещений частей самой рибосомы. Построение рибосомы из двух субчастиц, относительно лабильно ассоциированных в отсутствие лигандов, в принципе представляет такую возможность: субчастицы могли бы быть способны смещаться друг относительно друга при функционировании либо путем небольшого размыкания и смыкания, либо относительного скольжения. Имеется экспериментальное указание о небольшом изменении (уменьшении) компактности рибосомы в процессе транслокации, что может свидетельствовать в пользу первого способа взаимного смещения субчастиц, предполагающего размыкание при транслокации.

Другой возможный подвижный элемент рибосомы — это L7 / L12-стержень 50S субчастицы. Ряд данных говорит о его прямом участии в функционировании белковых факторов трансляции и, в част-

ности, EF-G, катализирующего транслокацию. Было бы не очень удивительным, если бы оказалось, что подвижность L7 / L12-стержня играет роль в перемещениях лигандов при транслокации (а также, возможно, и при поступлении аминоксил-тРНК в рибосому).

Нельзя исключать также возможности междоменной подвижности в рибосомных субчастицах, и особенно в малой субчастице, которая в целом представляется более лабильной и изменчивой, чем большая субчастица.

Рекомендуемая литература

- Итоги науки и техники. Сер. молекул биол. — М.: ВИНТИ. 1977. Т. 9. С. 6—115.
- Итоги науки и техники. Сер. биол. химия — М.: ВИНТИ. 1981. Т. 15. С. 116—174.
- Спирин А. С., Гаврилова Л. П. Рибосома. М.: Наука, 1971.
- Спирин А. С. О механизме работы рибосомы. Гипотеза смыкания-размыкания субчастиц. — Докл. АН СССР, 1968. Т. 179. С. 1467—1470.
- Спирин А. С., Баранов В. И., Сердюк И. Н., Май Р. П. Изменение компактности рибосомы при транслокации. — Докл. АН СССР, 1984. Т. 274. С. 1260—1266.
- The Mechanism of Protein Synthesis. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1969, v. 34, p. 49—67; 197—207; 621—630.
- Chambliss G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 89—110; 267—294; 497—581.
- Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1979, v. 23, p. 1—51.
- Nomura M., Tissières A., Lengyel P., eds. Ribosomes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 309—331; 573—585; 711—731.
- Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 203—244.
- Bretscher M. S. Translocation in protein synthesis: A hybrid structure model. — Nature, 1968, v. 218, p. 675—677.
- Chinali G., Wolf H., Parmeggiani A. Effect of kirromycin on elongation factor T_{U} . Location of the catalytic center for ribosome elongation-factor- T_{U} GTPase activity on the elongation factor. — Eur. J. Biochem., 1977, v. 75, p. 55—65.
- Girshovich A. S., Kurtshalia T. V., Ovchinnikov Yu. A., Vasiliev V. D. Localization of the elongation factor G on *Escherichia coli* ribosomes. — FEBS Lett., 1981, v. 130, p. 54—59.
- Gudkov A. T., Gongadze G. M., Bushuev V. N., Okon M. S. Proton magnetic resonance study of the ribosomal protein L7 / L12 *in situ*. — FEBS Lett., 1982, v. 138, p. 229—232.
- Hamel E., Koka M., Nakamoto T. Requirement of an *E. coli* 50S ribosomal protein component for effective interaction of the ribosome with T and G factors and with guanosine triphosphate. — J. Biol. Chem., 1972, v. 247, p. 805—814.
- Koteliansky V. E., Domogatsky S. P., Gudkov A. T., Spirin A. S. Elongation factor-dependent reactions on ribosomes deprived of proteins L7 and L12. — FEBS Lett., 1977, v. 73, p. 6—11.
- Lipmann F. Polypeptide chain elongation in protein biosynthesis. — Science, 1969, v. 164, p. 1024—1031.
- Monro R. E. Catalysis of peptide bond formation by 50S ribosomal subunits from *Escherichia coli*. — J. Mol. Biol., 1967, v. 26, p. 147—151.
- Noller H. F., Kap J. A., Wheaton V. et al. Secondary structure model for 23S ribosomal RNA. — Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 6167—6189.
- Traut R. R., Monro R. E. The puromycin reaction and its relation to protein synthesis. — J. Mol. Biol., 1964, v. 10, p. 63—72.
- Watson J. D. The synthesis of proteins upon ribosomes. — Bull. Soc. Chim. Biol., 1964, v. 46, p. 1399—1425.

Глава II

ЭЛОНГАЦИЯ: ПОСТУПЛЕНИЕ АМИНОАЦИЛ- тРНК В РИБОСОМУ

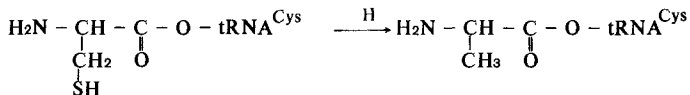
1. КОДОН-АНТИКОДОНОВОЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ

Рассмотрение элонгационного цикла удобно начать с состояния транслирующей рибосомы, когда пептидил-тРНК занимает Р-участок, а А-участок с установленным там кодоном матричного полинуклеотида вакантен (см. рис. 80, верх). Такая рибосома способна к связыванию очередной аминоацил-тРНК.

Хотя связывание аминоацил-тРНК с А-участком рибосомы осуществляется, по-видимому, несколькими связывающими центрами участка и, соответственно, по нескольким точкам молекулы, специфичность связанной аминоацил-тРНК определяется лишь кодоном матричного полинуклеотида. Другими словами, именно кодон ответствен за выбор соответствующей ему аминоацил-тРНК («своей» аминоацил-тРНК), т.е. тРНК с аминокислотным остатком, кодируемым данным кодоном.

Адапторная гипотеза и ее доказательство

Согласно адапторной гипотезе Ф. Крика, структура аминокислотного остатка не имеет отношения к выбору аминоацил-тРНК кодоном. Кодон комплементарно взаимодействует лишь с самой тРНК как адаптором, и, следовательно, тот аминокислотный остаток, который был присоединен к адапторной тРНК заранее, оказывается автоматически навязанным рибосоме, никак не участвуя в узнавании кодона. Решающее доказательство этого положения адапторной гипотезы было дано в блестящих экспериментах групп Ф. Липманна и С. Бензера. Цистеинил-тРНК^{Cys} была каталитически восстановлена на никеле Ренея, так что цистеиновый остаток превратился в аланиновый, оставаясь присоединенным к тРНК^{Cys}:



Когда Ala-tRNA^{Cys} была добавлена в бесклеточную систему с рибосомами, программированными статистическим сополимером поли (U,G), кодирующим Phe, Leu, Val, Gly, Trp и Cys, но не кодирующим Ala, наблюдался синтез полипептида, содержащего Ala. В другом опыте Ala-tRNA^{Cys} добавлялась в ретикулоцитную бесклеточную систему синтеза глобина на естественной мРНК, и в синтезируемой полипептидной цепи в положениях, где в норме должны быть остатки Cys, наблюдались остатки Ala.

Концепция антикодона

Таким образом, узнавание кодона осуществляется тРНК. Было постулировано, что узнавание кодона происходит посредством спаривания с комплементарным нуклеотидным триплетом адаптора. Следовательно, выбор аминоксил-тРНК должен определяться комплементарностью кодона с этим триплетом, получившим название антикодона. Ярким экспериментальным доказательством решающей роли кодон-антикодовой комплементарности в связывании аминоксил-тРНК является получение мутационно измененных тРНК с точечной заменой нуклеотида в положениях 34—36 (см. рис. 22), соответствующих антикодону. Так, когда в тРНК^{Tyr} *E. coli* ее антикодон GUA изменен в CUA, Tyr-tRNA^{Tyr}_{CUA} / перестает узнавать тирозиновый кодон UAC, а вместо этого узнает терминаторный кодон UAG.

Итак, выбор аминоксил-тРНК для связывания в А-участке рибосомы осуществляется посредством комплементарного кодон-антикодового взаимодействия. Это значит, что между кодоном и антикодоном должен образоваться комплекс с параметрами двойной спирали Уотсона—Крика (типа А-формы), существенными моментами которой являются антипараллельность цепей, образование стандартных пар оснований А·U, U·A, G·C и C·G, скрепленных водородными связями, и межплоскостные взаимодействия (стэкинг) оснований. Если рассмотреть вышеприведенный пример с тирозиновой тРНК, то ее исходный антикодон и мутационно измененный антикодон должны спариваться соответственно с тирозиновым кодоном и терминаторным кодоном следующим образом:



Гипотеза нестрогого соответствия при кодон-антикодовом спаривании

Однако оказалось, что такое строгое каноническое спаривание оснований не является общим правилом для взаимодействия первого остатка антикодона с третьим остатком кодона. Прежде всего было замечено, что если аминокислота кодируется двумя, тремя или четырьмя кодонами, то первые два нуклеотидных остатка кодонов всегда идентичны, а третий различается (см. рис. 3). Следовательно, аминокислота строго кодируется двумя первыми буквами кодона и менее строго — третьей. С другой стороны, было обнаружено, что рибосомы, запрограммированные разными кодонами для одной и той же аминокислоты, могут связывать одну и ту же тРНК, т.е. тРНК может узнавать более чем один кодон. Например, одна и та же фенилаланиновая тРНК узнает как UUU, так и UUC. Анализируя эти и некоторые другие факты, Ф. Крик выдвинул гипотезу о неоднозначном спаривании первого нуклеотида антикодона с третьим остатком кодона; он предположил возможность нестрогого соответствия

АНТИКОДОН 1-е ПОЛОЖЕНИЕ

КОДОН 3-е ПОЛОЖЕНИЕ

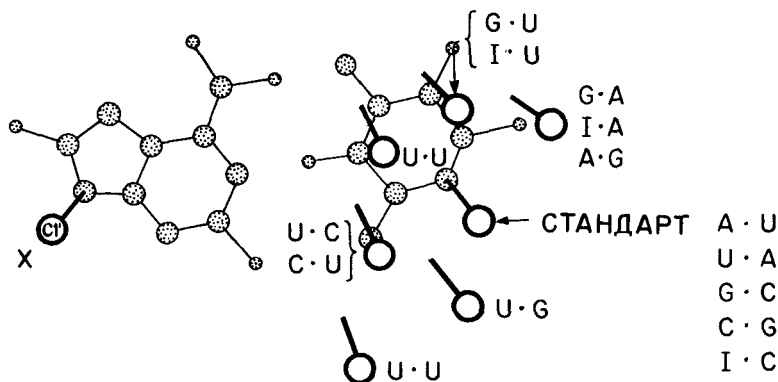


Рис. 91. Относительные положения и направления N-гликозидных связей нуклеозидных остатков при спаривании первого основания антикодона (слева) с третьим основанием кодона (справа) (по F. H. Crick, J. Mol., 1966, v. 19, p. 548–555):

жирные кружки — положения $C1'$ атомов; толстые отрезки — N-гликозидные связи; стандартная пара $A \cdot U$, обозначенная тонкими кружками и линиями, приведена для сравнения. Если атом $C1'$ нуклеотидного остатка антикодона фиксируется в положении X, атом $C1'$ нуклеотидного остатка кодона находится либо в стандартном положении (в случае стандартных пар), либо в положении, несколько отклоняющемся от стандартного (в случае «нестрогих» пар)

(wobble) в этом положении. Это значит, что здесь, в дополнение к стандартному спариванию $A \cdot U$, $U \cdot A$, $G \cdot C$ и $C \cdot G$, а также $I \cdot C$ (I , являясь дезаминированным производным A , спаривается так же, как G), могут иметь место нестандартные (неканонические) пары, **не сильно отличающиеся** по геометрическим параметрам от стандартных. Такими парами могли бы быть $A \cdot G$, $G \cdot A$ и $I \cdot A$; $G \cdot U$ и $I \cdot U$; $U \cdot G$; $U \cdot U$, $U \cdot C$ и $C \cdot U$ (рис. 91). Однако необходимо было принять во внимание следующие черты кодового словаря (см. рис. 3): 1) U и C в третьем положении кодона всегда эквивалентны с точки зрения кодовой специфичности; 2) A и G в третьем положении кодона, как правило (но не всегда), эквивалентны; 3) пиримидиновые нуклеотиды (U , C) и пуриновые нуклеотиды (A , G), по крайней мере иногда, не эквивалентны в третьем положении кодона.

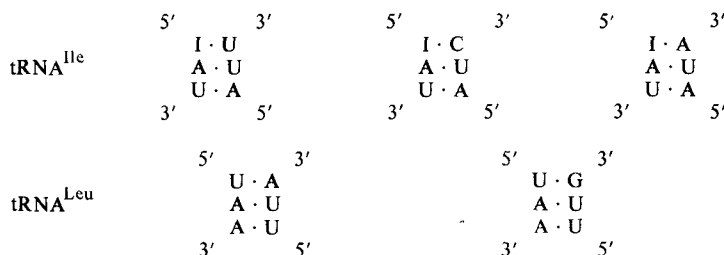
По физическим соображениям Крик исключил пары $A \cdot G$ и $G \cdot A$, так как такого рода взаимодействие привело бы к дегидратации NH_2 -группы гуанина, что крайне невыгодно энергетически. Далее, принимая во внимание вышеуказанные черты кодового словаря, он исключил возможность спаривания $U \cdot U$, $U \cdot C$ и $C \cdot U$ (иначе пиримидиновые и пуриновые нуклеотиды в третьем положении были бы всегда эквивалентны с точки зрения кодовой специфичности, что противоречило экспериментальным данным). В итоге получились сле-

дующие правила спаривания первого нуклеотида антикодона с нуклеотидом в третьем положении кодона:

А спаривается с U;
 G спаривается с C
 и U;
 I спаривается с C
 U
 и A;
 U спаривается с A
 и G;
 C спаривается с G.

При этом уже было известно, что I действительно часто встречается в антикодонах тРНК и что А в первом положении антикодона вряд ли встречается, а скорее всего, всегда превращен в I посредством энзиматического дезаминирования. Все типы нестрогого спаривания оснований, предложенные Криком, в сравнении со строгим стандартным спариванием даны на рис. 92 (см. цветную вклейку).

Если следовать гипотезе Крика, то не может быть отдельного смыслового кодона, кончающегося на А, для кодирования какой-то аминокислоты. Действительно, AUA вместе с AUU и AUC кодируют изолейцин, или, например, UUA вместе с UUG кодируют лейцин, но один UGA не кодирует никакой аминокислоты. Гипотеза предсказывает, что все три кодона изолейцина должны узнаваться одной тРНК с антикодоном IAU, а два указанных кодона лейцина — одной тРНК с антикодоном UAA:



Далее, согласно гипотезе, когда аминокислота кодируется только двумя кодонами, I не может быть в антикодоне тРНК. Следовательно, гипотеза предсказывает, что в фенилаланиновых, тирозиновых, цистеиновых, гистидиновых, глютаминовых и глютамининовых, аспарагиновых и аспарагиниловых тРНК никогда не может быть I в первом положении антикодона.

Наконец, когда аминокислота кодируется четырьмя кодонами, для нее должно существовать не менее двух тРНК с разными антикодонами: либо одна для узнавания U и C, а другая — A и G в третьем положении кодона (соответственно с G и U в первом положении антикодона), либо одна для узнавания U, C и A, а другая — только G в третьем положении кодона (соответственно с I и C в первом положении антикодона).

Само существование нестрогого соответствия при первом положении антикодона — третьем положении кодона, а также большинство правил и предсказаний гипотезы было подтверждено всем последующим экспериментальным материалом.

Поправки к правилам нестрогого соответствия

Однако были обнаружены также и несоответствия, потребовавшие некоторых коррекций правил. Например, в дрожжах изоакцепторные тРНК^{Ser}, читающие кодоны UCU, UCC, UCA и UCG, имеют антикодоны IGA, U*GA (где U* — модифицированный U) и CGA; все они, включая тРНК^{Ser}_{U*GA}, оказались строго необходимыми для трансляции *in vivo*, что указывает, по-видимому, на неспособность тРНК^{Ser}_{IGA} хорошо узнавать кодон UCA в естественных условиях. Действительно, до сих пор нельзя считать доказанным, что I одинаково хорошо спаривается с C, U и A в третьем положении кодона; и не исключено, что для кодонов, оканчивающихся на A, могут существовать свои изоакцепторные тРНК.

С другой стороны, имеются и противоположные указания, полученные в основном *in vitro*, что I в некоторых случаях (а также G и модифицированный U) может спариваться со всеми четырьмя основаниями в третьем положении кодона; во всяком случае, дрожжевая тРНК^{Val} с антикодоном IAC считывает все четыре валиновых кодона в бактериальной бесклеточной системе (хотя последнее может быть следствием не совсем нормальных условий *in vitro* и происходить по тому же механизму, что и ложное кодирование — см. В. II.5). На основании таких опытов *in vitro* У. Лагерквист предложил гипотезу «два из трех», согласно которой для восьми несмешанных кодоновых семей (Leu, Val, Ser, Pro, Thr, Ala, Arg и Gly) узнавание кодонов антикодонами их тРНК происходит только по первым двум нуклеотидам, тогда как третий нуклеотид кодона участия в узнавании не принимает и может быть любым. Физическим основанием такого способа кодон-антикодового узнавания могло бы быть то обстоятельство, что спаривание первых двух положений кодона с антикодоном особенно сильно в перечисленных случаях кодоновых семей, например, за счет участия G·C и C·G пар и за счет предполагаемого стабилизирующего вклада пуринового основания во втором положении антикодона.

Другая группа несоответствий была обнаружена при изучении митохондриального кода и митохондриальных тРНК. Было найдено, что митохондриальные тРНК, содержащие немодифицированный U в первом положении антикодона, узнают все четыре кодона, имеющие общие два первых нуклеотида. Так, тРНК^{Val} с антикодоном UAC узнает кодоны GUU, GUC GUA и GUG; тРНК^{Ala} с антикодоном UGC узнает кодоны GCU, GCC, GCA и GCG. В тех случаях, когда нуклеотид в первом положении антикодона узнает только пуриновые нуклеотиды кодонов, U в митохондриальных тРНК оказался модифицированным. В тРНК бактерий и цитоплазматических тРНК эукариотических клеток U в первом положении антикодона,

как правило, модифицирован. Возможно, немодифицированный U в первом положении антикодона действительно хорошо спаривается со всеми четырьмя основаниями, и лишь модификации ограничивают его взаимодействия спариванием с пуриновыми нуклеотидами, т. е. правилами Крика. Не исключено, что некоторые модификации U могут ограничивать его узнавание одним А, как в примере с дрожжевой тРНК^{Ser}, имеющей антикодон U*GA.

Интересно отметить также, что в *E. coli* имеется минорный вид тРНК^{Ile}, которая узнает только изолейциновый кодон AUA; в первом положении ее антикодона находится неидентифицированное производное С (а не U). Это еще раз говорит в пользу существования специальных антикодонов, узнающих только кодоны, оканчивающиеся на А.

Стереохимия кодон-антикодового спаривания

Структура антикодовой петли, описанная в А. III. 2, характеризуется спиральным ходом отрезка цепи, включающего три остатка антикодона и следующие за ним (по направлению к 3'-концу) остатки; параметры спирали близки к таковым одной цепи стандартной двойной спирали РНК, ее основания находятся в стэкинге, а три основания антикодона оказываются обращенными своими группами, ответственными за спаривание посредством водородных связей, наружу (см. рис. 20). Таким образом, антикодон готов образовать двуспиральный комплекс с комплементарной последовательностью без существенной перестройки своей пространственной структуры.

Если смотреть на L-образную молекулу тРНК вверх антикодомом с внешней стороны угла, то группы трех оснований антикодона, способные к спариванию посредством водородных связей, обращены более или менее по правую сторону от плоскости, содержащей обе ветви молекулы (см. рис. 22). Первое основание антикодона (положение нестрогого спаривания при кодон-антиконовом взаимодействии) находится на самой верхушке антикодовой ветви молекулы, а два других основания антикодона и два последующих основания петли спускаются от него по спирали, как винтовая лестница, слева вниз направо.

Когда антикодон тРНК образует комплекс с мРНК, образующийся элемент двойной спирали будет иметь стандартное Уотсон — Криковское спаривание вниз от верхушки антикодовой ветви и менее строгое спаривание на краю у верхушки. Это, естественно, соответствует большей стерической свободе крайней пары спирали по сравнению с внутренними парами (третья пара в антикодон-коновом спаривании тоже может рассматриваться как внутренняя, так как она ограничивается в конформационных возможностях подпирающей ее и стэкированным с ней пуриновым основанием антикодовой петли, а также, возможно, примыкающим антикодомом пептидил-тРНК). Кодон мРНК, взаимодействующий с антикодомом тРНК в А-участке, тоже должен принимать спиральную конформацию; возможно, такая конформация, готовая для взаимодействия с антикодомом, формируется

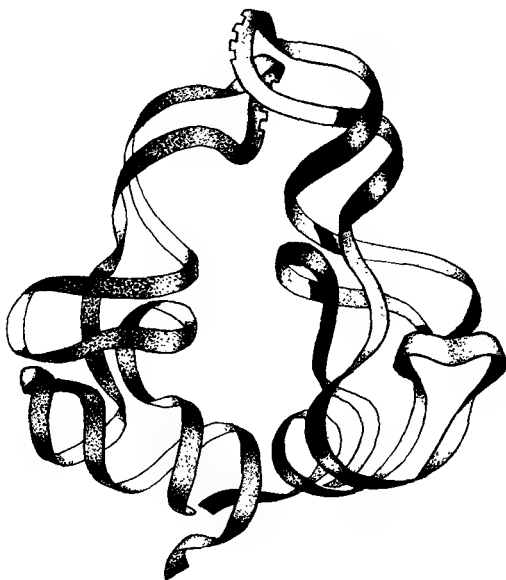


Рис. 93. Взаимная ориентация двух молекул тРНК в рибосоме, представленных в виде ленточных моделей:

антикодоны непосредственно соседствуют вдоль цепи мРНК, акцепторные концы тоже сближены, а углы в той или иной степени разведены

ми) (рис. 93). Отсюда следуют довольно жесткие требования относительно того, как могут быть расположены два кодон-антикодоновых двуспиральных элемента друг относительно друга.

По стерическим соображениям приходится допустить, что между кодон-антикодоновыми дуплексами, образуемыми между двумя тРНК и смежными кодонами мРНК, существует гибкое сочленение, позволяющее ориентировать две тРНК так, чтобы сближить их акцепторные концы. Очевидно, что такое гибкое сочленение возможно реализовать за счет вращения вокруг связей $C(3)-O-P-O-C(5)-C(4)$ межнуклеотидного мостика, соединяющего два кодона мРНК. Тогда в этом месте образуется некоторый излом, т. е. два кодон-антикодоновых дуплекса не будут коаксиальны и, соответственно, между ними не будет межплоскостного взаимодействия оснований (стэкинга) (рис. 94). Две L-образные молекулы тРНК будут располагаться так, что их плоскости, содержащие обе ветви молекулы, окажутся образующими друг с другом некоторый угол, а верхушки обеих ветвей (антикодоны и акцепторные концы) сближены (рис. 93).

2. УЧАСТИЕ ФАКТОРА ЭЛОНГАЦИИ (EF-T_u ИЛИ EF-1) В СВЯЗЫВАНИИ АМИНОАЦИЛ-тРНК

Кодонзависимое связывание аминоксил-тРНК с А-участком рибосомы катализируется белком, называемым фактором элонгации T_u (EF-T_u)

до связывания аминоксил-тРНК под влиянием соответствующего мРНК-удерживающего центра рибосомы.

Связывание аминоксил-тРНК в А-участке рибосомы в процессе элонгации предполагает, что Р-участок занят пептидил-тРНК. Показано, что в Р-участке сохраняется кодон-антикодоновое взаимодействие между мРНК и тРНК. Это значит, что триплет нуклеотидов, непосредственно смежный с кодоном в А-участке по направлению к 5'-концу мРНК, тоже спарен и находится в спиральной конформации. Ориентация двух молекул тРНК на рибосоме должна быть только такой, при которой их аминокислотные концы сближены (для последующей реакции транспептидации между ними)

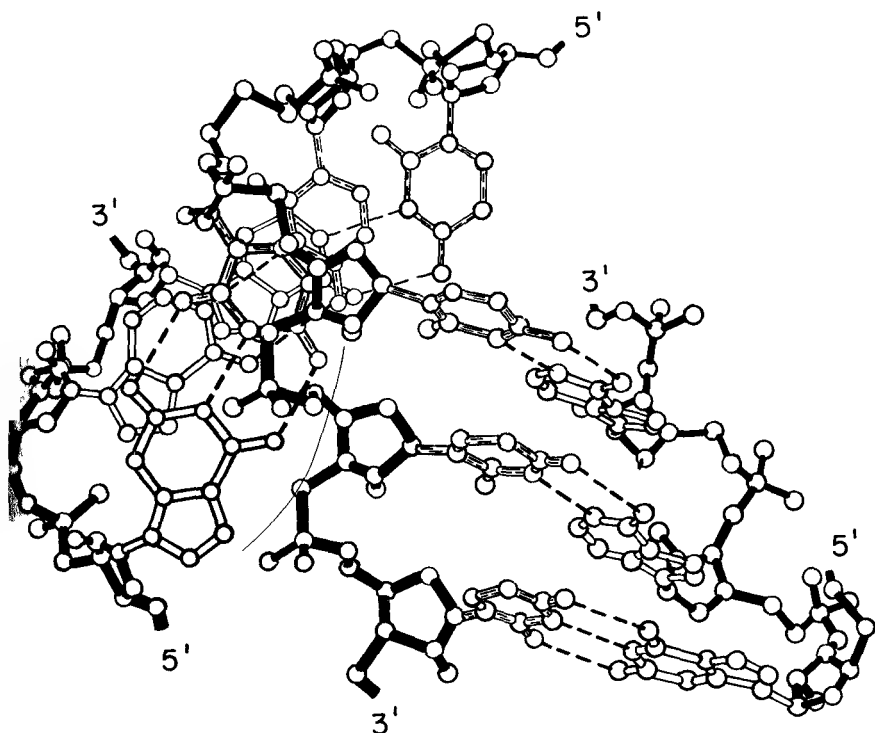


рис. 94. Двуспиральные структуры, образованные двумя кодон-антикодоновыми комплексами в рибосоме: шаростержневое изображение без водородов (предоставлено В. И. Лимом, Институт белка АН СССР, Пушкино):

цепь мРНК (шесть нуклеотидных остатков) видна в середине, антикодон акцепторной тРНК находится справа, а антикодон донорной тРНК слева; между двумя кодонами мРНК имеется излом, так что, если полинуклеотидный остов 3'-кодона мРНК лежит примерно в плоскости рисунка, направление цепи 5'-кодона почти перпендикулярно этой плоскости; пунктирные линии означают водородные связи между основаниями кодонов и антикодонов.

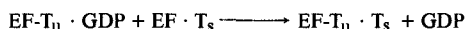
прокариот или фактором элонгации 1 (EF-1) у эукариот. Аминоацил-тРНК поступает в рибосому в виде комплекса с этим белком и с ГТФ.

EF-T_u и его взаимодействия

EF-T_u представляет собой лабильный трехдоменный белок с молекулярной массой около 45 000 дальтон. Его полипептидная цепь состоит из 393 аминокислотных остатков (в случае *E. coli*). Общие размеры молекулы EF-T_u составляют $7,5 \times 5,0 \times 4,5$ нм и, таким образом, сравнимы с размерами молекулы тРНК. Трехмерная структура белка находится в стадии интенсивного исследования. Плотный домен I молекулы охватывает последовательность 60–240, рыхлый домен II образован С-концевой последовательностью 300–393, а соединяющий их домен III построен из N-концевого участка цепи 1–60 и внутреннего участка 160–300. ГТФ-связывающий центр белка локализован на компактном

доме и содержит важную для функции SH-группу (Cys-137). Связывание аминоксил-тРНК с EF-T_u является, скорее всего, многоцентровым и охватывает, по крайней мере, два домена. Другая SH-группа того же домена (Cys-81) важна для связывания аминоксилной части молекулы тРНК. При связывании аминоксил-тРНК EF-T_u покрывает значительную часть, и в основном левую сторону, если смотреть на молекулу антикодомом вверх с внешней стороны угла, акцепторной ветви и центральной части L-образной молекулы тРНК.

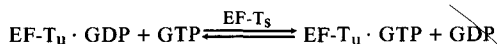
Свободный EF-T_u может связывать как ГТФ, так и ГДФ, причем константа сродства к последнему на порядок выше. Свободный EF-T_u может взаимодействовать также с другим белком с молекулярной массой около 30 000 дальтон, обозначаемым как фактор элонгации T_s (EF-T_s); между EF-T_u и EF-T_s образуется комплекс EF-T_u · T_s (EF-T). Если EF-T_u связан с ГДФ, то EF-T_s, комплексируясь с EF-T_u, освобождает ГДФ:



Комплекс EF-T_u · T_s может взаимодействовать с ГТФ, давая EF-T_u · GTP и свободный EF-T_s при избытке ГТФ:



Таким образом, EF-T_s является фактором, вытесняющим ГДФ из медленно диссоциирующего комплекса EF-T_u · GDP и тем самым катализирующим обмен ГДФ на ГТФ, согласно суммарной реакции:



Свободный EF-T_u, комплекс EF-T_u · GDP и комплекс EF-T_u · T_s, если и обладают, то лишь небольшим сродством к аминоксил-тРНК. Только присоединение ГТФ индуцирует сильное сродство EF-T_u к аминоксил-тРНК, так что образуется тройственный комплекс:



Ни деацилированные, ни N-блокированные аминоксил-тРНК не связываются с EF-T_u · GTP; аминоксилный остаток и его свободная аминоксильная группа являются абсолютно необходимыми для образования тройственного комплекса. Природа боковой группы аминоксилного остатка не имеет принципиального значения (хотя определенные вариации сродства аминоксил-тРНК к комплексу EF-T_u · GTP в зависимости от боковой группы в литературе отмечались). Считается, что присоединение ГТФ наводит конформационное изменение в белке EF-T_u, так что он приобретает сродство к аминоксил-тРНК. Наоборот, ГДФ фиксирует EF-T_u в конформации, лишенной сродства к аминоксил-тРНК.

Подобным образом ведет себя и эукариотический EF-1. Различают две формы фактора — EF-1_L (легкая) и EF-1_H (тяжелая). Аналогом EF-T_u является EF-1_L; он представляет собой мономерный белок с молекулярной массой около 50 000 дальтон, способный связываться с ГТФ или ГДФ и образовывать тройственный комплекс Aa-tRNA · EF-1_L · GTP. EF-1_H является, по-видимому, агрегированным аналогом комплекса

$\text{EF-T}_u \cdot \text{T}_s$; он состоит из EF-1_L (α -субъединица) и двух других белков (β - и γ -субъединицы) с молекулярными массами 30000 дальтон и 10000 дальтон, которые образуют между собой прочный комплекс. Похоже, что β -субъединица EF-1_L является аналогом EF-T_s , в то время как роль более крупной γ -субъединицы неизвестна; во всяком случае, в экспериментах *in vitro* β -субъединица и комплекс $\beta \cdot \gamma$ как будто бы функционально полностью взаимозаменяемы.

Связывание тройственного комплекса с рибосомой

Содержание EF-T_u (или EF-1) в клетках достаточно велико, так что практически вся аминоацил-тРНК находится в виде тройственных комплексов с белком и ГТФ. Как тРНК, так и белковая часть комплекса имеет сродство к рибосоме. В результате кодон-антикодового узнавания комплекс с тРНК, соответствующей кодону матрицы, оказывается связанным в рибосоме.

Кодонзависимая ассоциация тройственного комплекса с рибосомой индуцирует гидролиз связанного ГТФ до ГДФ и ортофосфата. Ортофосфат освобождается, а EF-T_u оказывается теперь в комплексе с ГДФ и, соответственно, утрачивает сродство как к рибосоме, так и к аминоацил-тРНК; происходит освобождение $\text{EF-T}_u \cdot \text{GDP}$ из рибосомы. Аминоацил-тРНК остается в А-участке и только теперь становится способной вступить в реакцию с пептидил-тРНК. Таким образом, после образования тройственного комплекса имеет место следующая последовательность реакций:

- (1) $\text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GTP} + \text{RS} \cdot \text{mRNA} \rightarrow \text{RS} \cdot \text{mRNA} \cdot \text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GTP};$
- (2) $\text{RS} \cdot \text{mRNA} \cdot \text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GTP} + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{RS} \cdot \text{mRNA} \cdot \text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GDP} + \text{P}_i;$
- (3) $\text{RS} \cdot \text{mRNA} \cdot \text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GDP} \rightarrow \text{RS} \cdot \text{mRNA} \cdot \text{Aa-tRNA} + \text{EF-T}_u \cdot \text{GDP}$

Роль гидролиза ГТФ

Что будет, если вместо ГТФ использовать его нерасщепляемый аналог — гуанилилметилendisфосфат (GMP-PCP) или гуанилилимидодисфосфат (GMP-PNP)? EF-T_u (так же как и эукариотический EF-1) способен взаимодействовать с аналогом, так что белок приобретает сродство к аминоацил-тРНК. Белок, аналог ГТФ и аминоацил-тРНК образуют тройственный комплекс. Тройственный комплекс связывается с рибосомой. Однако следующая реакция (2) не происходит, EF-T_u продолжает сохранять сродство к аминоацил-тРНК и рибосоме, и аминоацил-тРНК остается сидеть в рибосоме вместе с белком и нерасщепляемым аналогом ГТФ. В этом случае аминоацил-тРНК неспособна служить акцепторным субстратом в реакции транспептидации с пептидил-тРНК и следующая стадия элонгационного цикла оказывается блокированной.

Можно предложить два объяснения неспособности аминоацил-тРНК в комплексе с EF-T_u участвовать в транспептидации. Согласно одному, тройственный комплекс $\text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GTP}$ или $\text{Aa-tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GMP-PCP}$ поступает в рибосому и связывается с кодоном матрицы, но тРНК не занимает А-участка, пока не произойдет расщепления ГТФ и освобождения EF-T_u . Соответственно, постулируется существование

специального участка такого предварительного кодонзависимого связывания аминоксил-тРНК, обозначаемого как «R-участок» («recognition site»). (В предполагаемом «R-участке» тРНК взаимодействует с кодоном матрицы, установленным в А-участке, так что «R-участок» не является независимым и отдельным, а перекрывается с А-участком.) Гидролиз ГТФ мог бы рассматриваться как источник энергии для перемещения аминоксил-тРНК из «R-участка» в А-участок. При использовании нерасщепляемого аналога ГТФ аминоксил-тРНК должна застрять в «R-участке» и потому не реагировать с пептидил-тРНК.

Вместе с тем имеются две группы экспериментальных данных, которые показывают, что дело обстоит не совсем так. С одной стороны, аминоксил-тРНК, связанную с рибосомой при участии EF-T_u и нерасщепляемого аналога ГТФ (например, GMP-PCP), оказалось возможным сделать активной в транспептидации без гидролиза ГТФ, а путем простой отмывки EF-T_u с аналогом из рибосомы. С другой стороны, аминоксил-тРНК, связанная с рибосомой при участии EF-T_u и ГТФ, не становится, как показано, способной к реакции с пептидил-тРНК в результате гидролиза ГТФ, если EF-T_u не уходит с рибосомы. Действительно, имеется ингибитор элонгации — антибиотик кирромицин, — механизм действия которого состоит в следующем: он связывается с EF-T_u, увеличивая его сродство к рибосоме, так что все стадии связывания EF-T_u с ГТФ, затем с аминоксил-тРНК и, наконец, с рибосомой идут как будто бы нормально, но после гидролиза ГТФ комплекс EF-T_u · GDP не освобождается; в результате, следующий шаг элонгационного цикла — транспептидация — оказывается блокированным.

Второе объяснение неспособности аминоксил-тРНК в комплексе с EF-T_u участвовать в транспептидации состоит в том, что EF-T_u как крупный белок, связанный с аминокислотной частью молекулы аминоксил-тРНК в А-участке, просто закрывает (экранирует) аминокислотную группу от взаимодействия с пептидилтрансферазным центром и/или со сложноэфирной группой пептидил-тРНК. Имеющиеся экспериментальные данные не противоречат этому самому простому объяснению. Если это так, то роль гидролиза ГТФ сводится только к тому, чтобы эффектор (ГТФ), придавший сродство EF-T_u к рибосоме и аминоксил-тРНК, разрушился, сродство исчезло, и белок бы покинул их.

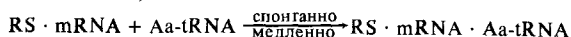
Тем не менее, даже принимая последнее объяснение, нельзя исключить, что до ухода EF-T_u молекула аминоксил-тРНК не вполне «аккомодирована» в А-участке, в том смысле, что ее акцепторный конец может удерживаться белком от вхождения в пептидилтрансферазный центр. (В этом смысле можно было бы пользоваться понятием «R-участка» для обозначения положения аминоксил-тРНК, сильно перекрываемого с ее окончательным положением в А-участке. В дальнейшем изложении, однако, А-участок будет пониматься только в структурном смысле, как место на рибосоме, где аминоксил-тРНК взаимодействует с кодоном мРНК, смежным с тем, что удерживает пептидил-тРНК в Р-участке. Если имеется ряд промежуточных **перекрываемых** положений аминоксил-тРНК, то они будут рассматриваться как положения в пределах одного структурного участка.)

Итак, кодонзависимое связывание аминоксил-тРНК с А-участком

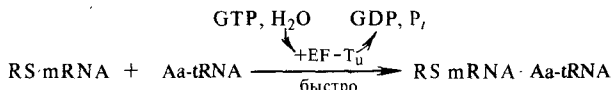
рибосомы катализируется белком EF-T_u с ГТФ. Катализ, по-видимому, происходит вследствие присоединения EF-T_u вместе с аминоацил-тРНК к рибосоме, а не вследствие гидролиза ГТФ. Гидролиз ГТФ необходим для разрушения сродства белка к рибосоме и его удаления, чтобы разрешить следующую стадию элонгационного цикла (транспептидацию).

3. «НЕЭНЗИМАТИЧЕСКОЕ» (БЕСФАКТОРНОЕ) СВЯЗЫВАНИЕ АМИНОАЦИЛ-тРНК

Кодонзависимое связывание аминоацил-тРНК с А-участком рибосомы может быть достигнуто также и без EF-T_u (см. эпиграф к гл. B.VI.6). Такое бесфакторное связывание требует несколько более высокой концентрации Mg²⁺ в среде (10–15 мМ при 100 мМ NH₄Cl или KCl) по сравнению с концентрацией Mg²⁺, оптимальной для EF-T_u-промотируемого связывания (5–10 мМ). Это связывание является вполне функциональным: связанная аминоацил-тРНК может реагировать с пептидил-тРНК в Р-участке в реакции транспептидации. Отличием бесфакторного («неэнзиматического») связывания аминоацил-тРНК от EF-T_u-промотируемого («энзиматического») является его существенно меньшая скорость. Итак,



Тем не менее конечный результат этой реакции такой же, как и в случае быстрого связывания тройственного комплекса Aa-tRNA · EF-T_u · GTP, с последующим расщеплением ГТФ и уходом EF-T_u:



4. ИНГИБИТОРЫ

Известен целый ряд специфических ингибиторов, главным образом антибиотиков, блокирующих ту или иную стадию элонгационного цикла рибосомы. Большая часть из них действует избирательно либо на прокариотические (бактериальные), либо на эукариотические рибосомы. Классическими специфическими ингибиторами как EF-T_u-промотируемого, так и неэнзиматического связывания аминоацил-тРНК с А-участком бактериальной 70S рибосомы являются тетрациклины (рис. 95). Тетрациклины подавляют также кодонзависимое связывание аминоацил-тРНК с изолированной 30S субчастицей (последнее является свидетельством того, что часть именно А-участка проявляет свою тРНК-связывающую способность на изолированной 30S субчастице). В соответствии с этим место специфического связывания тетрациклина с рибосомой обнаружено на 30S субчастице, хотя при более высоких концентрациях он может связываться также и с 50S субчастицей, обнаруживая побочные действия. Интересно, что когда тройственный комплекс Aa-tRNA · EF-T_u · GTP взаимодействует с 70S рибосомой в присутствии тетрациклина, то ГТФ гидролизуются и EF-T_u · GDP освобождается, но аминоацил-тРНК не остается связанной. По-видимому, тетрациклин, будучи связан

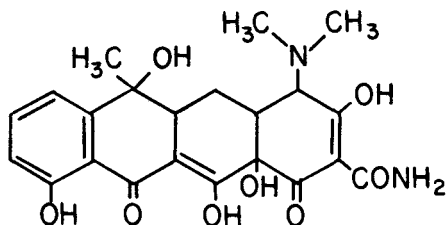


Рис. 95. Тетрациклин — ингибитор связывания аминоацил-тРНК с рибосомой

где-то в районе тРНК-связывающего А-участка на 30S субчастице рибосомы, ослабляет сродство участка к тРНК, что приводит к плохому удержанию тРНК на рибосоме после ухода EF-T_u.

Хотя тетрациклины не действуют на эукариотические клетки из-за непроницаемости их мембран для антибиотика, в эукариотических бесклеточных системах они тоже оказываются сильными ингибиторами, подавляя связывание аминоацил-тРНК с 80S рибосомами.

Существует целый ряд ингибиторов, которые подавляют главным образом EF-T_u (или EF-1)-промотируемое связывание аминоацил-тРНК с рибосомой путем блокирования факторсвязывающего участка 50S (или 60S) субчастицы. Типичными ингибиторами такого действия являются антибиотики тиострептон и близкий к нему сиомицин. Крупная молекула такого антибиотика прочно связывается с 50S субчастицей в районе белка L11 и препятствует взаимодействию EF-T_u, так же как и EF-G, с факторсвязывающим центром. Рибосомы без белка L11 оказываются функционально активными и нечувствительными к антибиотику. Интересно, что в некоторых мутантах, устойчивых к антибиотику, обнаруживается не измененный белок L11, а его полное отсутствие.

Антибиотик фусидовую кислоту (см. рис. 109) обычно рассматривают среди ингибиторов транслокации, но по существу он является специфическим ингибитором связывания аминоацил-тРНК. Этот антибиотик не действует на рибосому, а связывается с EF-G, так что белок приобретает повышенное сродство к факторсвязывающему центру 50S субчастицы и остается там после транслокации и гидролиза ГТФ. Присоединенный EF-G · GDP с фусидовой кислотой блокируют, таким образом, взаимодействие EF-T_u и аминоацильного конца тРНК с 50S субчастицей рибосомы.

Наконец, здесь необходимо рассмотреть антибиотик, который действует на сам EF-T_u, но не вызывает ингибирования связывания аминоацил-тРНК, а блокирует последующую стадию цикла. Это — кирромицин (рис. 96). Антибиотик действует на EF-T_u аналогично тому, как фусидовая кислота действует на EF-G: он придает EF-T_u такое сродство к рибосоме и аминоацил-тРНК, что белок не уходит после гидролиза ГТФ и блокирует участие аминоацильного конца в транспептидации. Важно отметить, что взаимодействие кирромицина с EF-T_u индуцирует собственную ГТФазную активность белка в отсутствие рибосомы; эти наблюдения послужили основанием для того, чтобы считать ГТФазный центр принадлежностью фактора, а не рибосомы, а рибосому рассматривать лишь как активатор латентной ГТФазной активности белка.

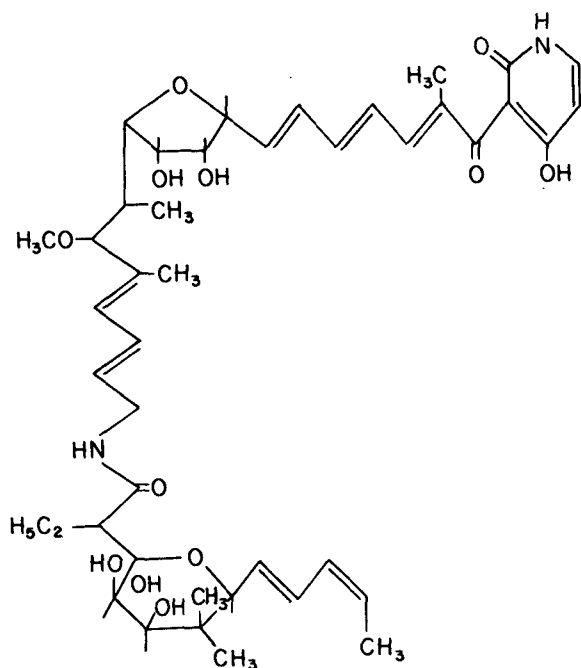


Рис. 96. Кирромицин — ингибитор, воздействующий на EF-T_u

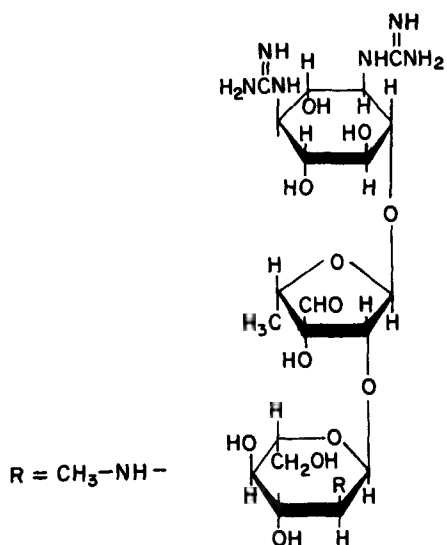


Рис. 97. Стрептомицин — ингибитор, стимулирующий ложное связывание аминоацил-тРНК

Имеется другая группа антибиотиков, которые воздействуют на связывание аминоацил-тРНК с А-участком рибосомы, но оказывают эффект совсем иного рода. Это так называемые аминогликозидные антибиотики, к которым относятся стрептомицин (рис. 97), а также неомицин, канамицин и некоторые другие. Антибиотики этой группы способствуют удержанию на рибосоме аминоацил-тРНК, не соответствующих кодону, установленному в А-участке рибосомы. В результате такого *ложного кодирования* синтезируются неправильные полипептиды, с большим количеством ошибок, что и приводит к цитотоксическому (бактерицидному) эффекту на клетки. Стрептомицин действует специфически на бактериальные 70S рибосомы, в то время как канамицин и неомицин могут индуцировать ложное кодирование также и на эукариотических 80S рибосомах. Главным местом связывания антибиотиков с рибосомой является, по-видимому, малая (30S или 40S) субчастица, хотя эффект зависит от взаимодействия обеих субчастиц и проявляется только на полной (70S или 80S) рибосоме.

5. ЛОЖНОЕ КОДИРОВАНИЕ

Ложное кодирование при связывании аминоацил-тРНК с рибосомой в присутствии стрептомицина и других аминогликозидных антибиотиков не является новым феноменом в функционировании трансляционного аппарата, обусловленным действием антибиотика. Оказалось, что определенный уровень ошибочного связывания аминоацил-тРНК в рибосоме всегда сопровождает процесс трансляции, и указанные антибиотики лишь увеличивают его. При этом определенный кодон матрицы в А-участке рибосомы, кроме своей аминоацил-тРНК, может связывать по ошибке лишь ограниченный набор других аминоацил-тРНК, более или менее близких ему по кодовой специфичности; аминогликозидные антибиотики, как правило, усиливают связывание того же самого набора аминоацил-тРНК, не внося новых двусмысленностей.

Ложное считывание поли(U)

В простейшей бесклеточной системе синтеза полифенилаланина поли(U)-программированными рибосомами *E. coli* можно наблюдать заметное ложное включение лейцина и изолейцина, а также, в уменьшающихся количествах, серина, тирозина и валина. Включение этих же пяти аминокислот, и особенно лейцина и изолейцина, резко стимулируется стрептомицином. На рис. 98 показано правильное кодон-антикодонное спаривание матрицы с тРНК^{Phe} и известные неправильные спаривания кодона UUU с антикодонами тРНК^{Ile}, тРНК^{Leu}, тРНК^{Ser}, тРНК^{Tyr} и тРНК^{Val} *E. coli*. Следует заметить, что тРНК^{Leu} с антикодоном CAG и тРНК^{Cys}, имеющая антикодон GCA, по-видимому, не могут связываться с поли(U) на рибосоме.

Можно думать, что при ложном связывании два из трех положений должны быть спарены (включая неканоническое спаривание при первом положении антикодона); без этого тРНК не может иметь, по-видимому, заметного кодонзависимого связывания в А-участке рибосомы (до-

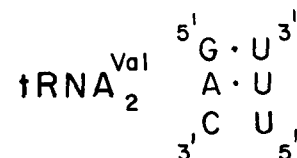
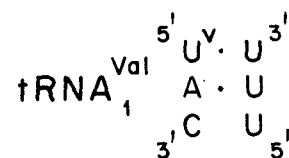
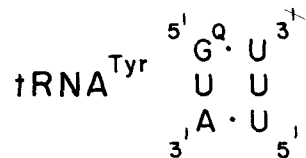
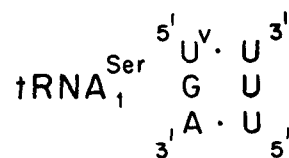
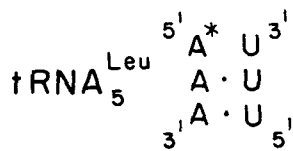
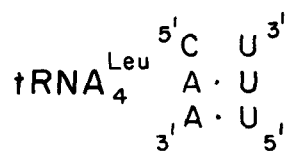
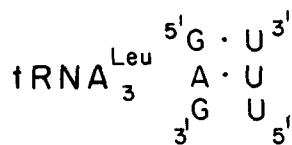
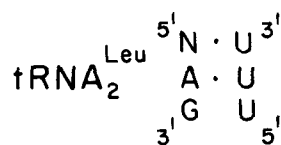
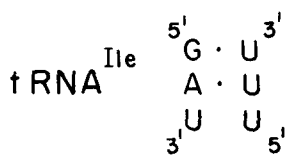
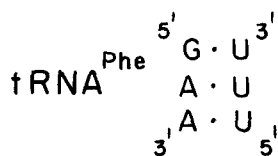


Рис. 98. Кодон-антикодоновое спаривание поли (U) с правильной («своей») и неправильными («несвоими») тРНК:

U^{V} – уридин-5-оксиуксусная кислота (см^оU или V); G^{Q} – кьюозин (Q) (см. рис. 15); A^* – неидентифицированное производное A; N – неидентифицированный нуклеозид.

пускается, что при связывании $tRNA_{2}^{Leu}$, $tRNA_{1}^{Ser}$ и $tRNA_{1}^{Val}$ с кодоном UUU основания N или V соответственно образуют неканоническую пару с U при первом положении антикодона).

Основные типы ложного спаривания

Анализ ложного кодирования в случаях с поли(U) и другими матричными полинуклеотидами, как *in vitro*, так и *in vivo*, в том числе под действием различных аминогликозидных антибиотиков, показывает, что наиболее частыми являются ошибки вследствие спаривания (или «противостояния» без спаривания) $G \cdot U$ или $U \cdot G$, а также $U \cdot U$ в любом месте антикодон-кодонного дуплекса. Более редки ошибочные спаривания или противостояния $U \cdot C$ или $C \cdot U$; бывают ошибки за счет противостояния C антикодона против A кодона. Лишь в исключительных случаях возможны ошибки с образованием пар (или противостояний) $A \cdot G$ или $G \cdot A$, а также противостояний $C \cdot C$, $A \cdot A$ и $G \cdot G$.

В положении нестрогого спаривания возможны, по-видимому, все типы противостояний, включая $I \cdot G$, $G \cdot A$, $G \cdot G$, $U \cdot U$, $U \cdot C$, $C \cdot A$, $C \cdot U$ и $C \cdot C$. Этим объясняются те случаи, когда любая из изоакцепторных tRNA могла узнавать в бесклеточной системе любой из четырех кодонов данной кодоновой семьи (т. е. кодонов, имеющих общими два первых нуклеотида).

Факторы, способствующие ложному кодированию

Кроме аминогликозидных антибиотиков целый ряд менее специфических агентов, включая ионные условия среды, может увеличивать уровень ошибок при кодонзависимом связывании аминоацил-tRNA транслирующей рибосомой. В общем все те факторы, которые увеличивают сродство tRNA к рибосоме, как правило, приводят к увеличению ложного кодирования. Так, увеличение концентрации Mg^{2+} в среде, а также диаминов (путресцин) или полиаминов (спермидин) повышает количество ошибок при трансляции в бесклеточной системе. Этанол и другие гидрофобные агенты, будучи добавлены к среде даже в небольшой концентрации, тоже увеличивают ложное кодирование. Наоборот, мочевины понижает количество ошибок трансляции. Из наиболее общих факторов среды ошибкам способствуют такие, как понижение температуры, понижение pH и понижение ионной силы.

С другой стороны, можно отметить некоторые структурные особенности самой tRNA, которые влияют на точность ее кодонзависимого связывания в А-участке. В частности, важной может быть структура D-шпильки tRNA. Так, мутационная замена G на A в D-шпильке tRNA^{Trp} приводит к тому, что эта tRNA с антикодоном CCA лучше спаривается в рибосоме с не своими кодонами UGA или UGU, чем исходная. Так как в отсутствие рибосом сродство антикодона CCA как к комплементарному триплету, так и к не своему триплету UGA в результате такой модификации не изменяется, то имеются все основания полагать, что

Изменение D-шпильки влияет на сродство тРНК к А-участку (увеличивает его). Это находится в соответствии с моделью, согласно которой L-образная молекула тРНК в А-участке взаимодействует с рибосомой преимущественно своей правой стороной, если смотреть на тРНК антикодоном вверх с внешней стороны угла (в то время как левая сторона взаимодействует с EF-T_u — см. гл. В. I. 2 и II.2).

Далее, большую роль в точности выбора аминоксил-тРНК играет структура рибосомы. Впервые в работах Л. Горини с сотрудниками было показано, что некоторые мутации, приводящие к изменению рибосомных компонентов, могут либо понижать, либо повышать уровень ошибок трансляции. Оказалось, что определенные мутационные изменения белка S12, приводящие к устойчивости против стрептомицина (мутации *strA*), в то же время делают рибосому более точной в кодон-зависимом выборе аминоксил-тРНК. Наоборот, так называемые *ram*-мутации (*ribosome ambiguity mutations*), заключающиеся в изменении белка S4, делают рибосому менее селективной, повышая уровень ложного кодирования. Некоторые мутационные изменения белка S5 также уменьшают селективность рибосомы. Характерно, что все до сих пор обнаруженные типы мутационных изменений, влияющих на точность кодон-антикодонного узнавания в А-участке рибосомы, сосредоточены в 30S субчастице. Несомненно, та часть А-участка, которая локализована на 30S субчастице, особенно важна для точности кодон-антикодонного узнавания; вероятно, что компоненты 30S субчастицы, образующие А-участок и располагающиеся вблизи него, и в частности группа тесно расположенных белков S4, S5 и S12, могут определять не только (и может быть не столько) прочность удержания тРНК, но и возможную степень жесткости (фиксации) или гибкости (*wobble*) антикодона тРНК или кодона мРНК на рибосоме.

Вышеперечисленные факторы среды или внутренние структурные факторы влияют на степень избирательности мРНК-программированной рибосомы по отношению к тРНК. В то же время уровень ложного кодирования в системе будет определяться не только избирательностью как свойством компонентов системы в данных условиях, но и соотношением компонентов. Естественно, при повышении отношения концентрации не своих тРНК к концентрации своих тРНК вероятность ложного связывания будет возрастать. Поэтому, например, при трансляции поли(U) в бесклеточной системе, когда происходит истощение своей фенилаланил-тРНК, уровень включения лейцина, изолейцина и других аминокислот в полипептид возрастает. Как крайний вариант в систему с поли(U)-программированными рибосомами можно дать лишь лейцил-тРНК, и тогда будет синтезироваться чистый полилейцин на поли(U) как матрице (хотя, конечно, с существенно меньшей скоростью, чем синтезировался бы полифенилаланин). В природных системах уровень ложного включения тех или иных аминокислот в синтезируемый полипептид может сильно зависеть от соотношения концентраций различных аминоксил-тРНК. В частности, голодание клетки по какой-либо аминокислоте вызывает множественные замены этой аминокислоты на близкие ей по кодовой специфичности в полипептидных цепях активно синтезируемых белков.

Так как ложное кодирование очень сильно зависит от целого ряда как внешних, так и структурных факторов, то очевидно, что в бесклоточных системах его уровень может варьировать в чрезвычайно широких пределах. Поэтому важно оценить, каков естественный уровень ложного кодирования в нормальных живых клетках, не подвергаемых тем или иным экстремальным воздействиям и не содержащих мутационных нарушений белоксинтезирующего аппарата. Однако оценить это нелегко по ряду причин. Во-первых, на стадиях, предшествующих связыванию аминоксил-тРНК, тоже возможны ошибки, например, ложное ацилирование тРНК; оно будет завышать оцениваемый уровень ложного кодирования. Во-вторых, на стадиях после связывания аминоксил-тРНК и включения ложной аминоксилоты в пептидную цепь возможна элиминация ложного продукта — либо путем аборта растущего пептида, либо путем переваривания окончательного неправильного белкового продукта. В-третьих, если готовый неправильный продукт обладает другими свойствами, чем правильный, то он может не встраиваться в те структуры, в которых мы его ищем, или не выделяться теми процедурами, которые мы используем для данного белка. Два последних обстоятельства будут занижать оцениваемый уровень ложного кодирования, и могут занижать его сильно.

Кроме того, по ложному включению одной аминоксилоты нельзя судить о возможностях ложного включения других. В частности, можно думать, что ложное кодирование в пределах одной кодоновой группы (т. е. кодонов, различающихся только по третьему нуклеотиду) должно быть более вероятным, чем другие замены. Как следует из кодового словаря (см. рис. 3), к таким наиболее вероятным аминоксилотным заменам в результате ложного кодирования должны относиться $\text{Phe} \leftrightarrow \text{Leu}$, $\text{Cys} \leftrightarrow \text{Trp}$, $\text{His} \leftrightarrow \text{Gln}$, $\text{Ile} \leftrightarrow \text{Met}$, $\text{Asn} \leftrightarrow \text{Lys}$, $\text{Ser} \leftrightarrow \text{Arg}$ и $\text{Asp} \leftrightarrow \text{Glu}$, причем замены слева направо (ложное спаривание с U или C в третьем положении кодона) должны быть более вероятны, чем замены справа налево (ложное спаривание с A или G в третьем положении кодона). Действительно, замены аспарагина на лизин являются гораздо более частыми, чем замены лизина; точно так же гистидин часто заменяется на глутамин, в то время как замены глутамина редки.

Было сделано несколько попыток оценить уровень ложного кодирования *in vivo*. В классических оценках Лофтфилда была определена частота ложного включения валина вместо треонина в α -цепи глобина кролика; было получено значение в районе $2-6 \cdot 10^{-4}$. Частота ошибочного включения цистеина, вероятно, вместо аргинина в заверченный флагеллин (белок, не содержащий цистеина) у *E. coli* того же порядка — 10^{-4} на кодон. Однако, строго говоря, не было ясно, насколько это значение действительно отражает уровень ложной трансляции на рибосомах (см. первый абзац этой главы). В последнее время были сделаны более прямые определения частоты ложного кодирования *in vivo*. Средняя частота трансляционных ошибок около $4 \cdot 10^{-4}$ на кодон у *E. coli* была рассчитана из опытов, где регистрировались аминоксилотные замены, приводящие к изменению заряда белка (т. е. по появлению

обавочного или исчезновению заряженного аминокислотного остатка); опыты ставились в присутствии стрептомицина, стимулирующего только трансляционные ошибки, и полученные величины приводились к величинам для нормального роста, исходя из независимо определенной величины стимуляции стрептомицином (приблизительно в 10 раз).

Однако на некоторых кодонах трансляционные ошибки могут быть существенно более частыми. Так, в опытах *in vivo* частота ложного считывания аспарагинового кодона AAU, приводящая к замене незаряженного аспарагина на положительно заряженный лизин, при трансляции мРНК белка оболочки фага MS2 составляла около $5 \cdot 10^{-3}$ (хотя частота ложного считывания аспарагинового кодона AAC в этих опытах была почти на порядок меньше и составляла около $2 \cdot 10^{-4}$). Это приводит к тому, что даже в нормальных условиях роста до 1–3% молекул белка оболочки фага MS2, синтезируемого в *E. coli*, имеют замены аспарагина на лизин как результат трансляционных ошибок.

Недавно, однако, было показано, что высокие уровни трансляционных ошибок *in vivo* могут наблюдаться не только в случаях аминокислотных замен в пределах одной кодоновой группы за счет ложного спаривания пиримидинового нуклеотида в третьем положении кодона. Триптофановый кодон UGG в мРНК рибосомного белка S6 (*E. coli*) позволяет включаться цистеину вместо триптофана с частотой $(3-4) \cdot 10^{-3}$; очевидно, по каким-то причинам здесь имеет место высокий уровень ложного спаривания с пуриновым нуклеотидом в третьем положении кодона. Цистеин включается вместо аргинина в рибосомный белок L7/L12 тоже с высокой частотой — 10^{-3} , хотя в данном случае кодоны этих двух аминокислот принадлежат к разным кодоновым группам.

Следует отметить, что самые последние оценки уровня ложного кодирования при трансляции *in vivo* дают еще более высокие значения — от 10^{-3} до 10^{-1} ошибок на прочитанный кодон, заставляя пересмотреть прежние оценки. Однако если бы это было так для большинства кодонов, то при трансляции не должно было бы вообще образовываться правильных белков. В настоящее время наиболее разумной оценкой, согласующейся с большей частью имеющихся экспериментальных данных, является среднее значение ложного кодирования *in vivo* от 10^{-4} до 10^{-3} ошибок на кодон, может быть с исключительными отклонениями для некоторых кодонов до 10^{-2} – 10^{-1} .

В бесклеточных системах обычно уровень ложного кодирования много выше; частота замен может достигать 10^{-2} , а в пределах одной кодоновой группы (Phe → Leu) даже 10^{-1} на кодон. Однако в специальных ионных условиях (низкий Mg^{2+} , оптимизированные соотношения других компонентов) можно воспроизвести уровень ложного кодирования, приближающийся к оценке 10^{-4} – 10^{-3} ошибок на кодон.

Надо сказать, что и, наоборот, при определенных условиях можно резко поднять уровень ложного кодирования *in vivo* как в бактериальных, так и в животных клетках, например путем голодания по некоторым аминокислотам, а также добавлением этанола и некоторых других агентов к среде (не говоря уже об увеличении ложного кодирования в клетках в ответ на аминокликозидные антибиотики).

По-видимому, определенный уровень ложного кодирования имеет большое биологическое значение и поддерживается в эволюции живых организмов. В искусственных условиях можно получить бактериальные мутанты, обладающие пониженным уровнем ложной трансляции (стрептомицинустойчивые мутанты), но в природных диких штаммах, более приспособленных к выживанию, он всегда выше. Несомненно, что в ряде случаев ложное кодирование помогает выживать при мутациях, которые иначе были бы летальны. Так, ложная посадка аминоацил-тРНК на терминирующий кодон, возникший в результате мутации смыслового кодона, может дать законченный белок с необходимой для клетки активностью. Получается «ложь во спасение», и «бессмысленный» мутант выживает. Таким же путем могут выживать и некоторые мутанты с точечными летальными заменами аминокислот в важных белках. Кроме того, редкое ложное связывание аминоацил-тРНК с нормальным терминирующим кодоном может постоянно использоваться клеткой как регуляторный прием; оно приводит к прочтению мРНК за пределы ее обычной кодирующей части («проскок» — см. раздел В.VIII.1) и, таким образом, к синтезу небольшого количества удлинённых полипептидов, дающих функционально отличные белки, необходимые для каких-то процессов в клетке. Не исключено, что аналогичный прием с заменой аминокислоты также может постоянно использоваться клеткой для образования небольшого количества какого-то нужного варианта белка.

Во всяком случае, чересчур большая строгость кодирования в процессе трансляции, по-видимому, сильно ограничила бы жизненную гибкость и потенции клетки.

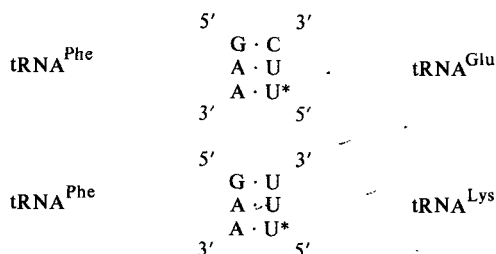
Кинетические механизмы ложного кодирования и его коррекции

Из предыдущего изложения следует, что ложное кодирование определяется прежде всего сродством антикодона к кодону. При полностью комплементарном антикодоне сродство наибольшее, и поэтому с кодоном преимущественно связывается своя тРНК. При частичной комплементарности сродство меньше, но имеется, и поэтому с кодоном могут связываться также и некоторые не свои тРНК, близкие по антикодону к своим. Это и есть ложное кодирование.

Эксперименты с различными межполинуклеотидными комплексами показали, что разница в константах сродства при комплементарных или частично комплементарных спариваниях определяется главным образом разницей во временах жизни, т. е. скоростях диссоциации таких комплексов, тогда как скорости их образования, если и отличаются, то не сильно. Все говорит о том, что и правильный, и неправильный антикодон-кодоновые комплексы могут образоваться с приблизительно одинаковой вероятностью, но неправильный комплекс быстрее распадается, а правильный остается жить дольше.

Для измерения времен полужизни комплексов антикодонов с комплементарными и частично комплементарными последовательностями была предложена интересная модель, а именно взаимодействие двух тРНК, обладающих той или иной степенью комплементарности между их

тикодонами. Например, тРНК^{Phe}, имеющая антикодон GAA, с одной стороны, и тРНК^{Lys}, имеющая антикодон s²UUU, или тРНК^{Glu}, имеющая антикодон s²UUC, — с другой, спариваются своими антикодонами по тем правилам кодон-антикодонового взаимодействия:



Таким образом, антикодон тРНК^{Glu} или тРНК^{Lys} можно было рассматривать как модель фиксированного на рибосоме кодона UUC или UUU, соответственно, для связывания тРНК^{Phe}. Оказалось, что полностью комплементарный антикодон-антикодоновый комплекс тРНК^{Phe} · тРНК^{Glu} имеет время полужизни, по крайней мере, на два порядка больше, чем большинство комплексов, моделирующих ложное связывание — тРНК^{Leu}₂ · тРНК^{Lys}, тРНК^{Leu}₃ · тРНК^{Lys}, тРНК^{Leu}₄ · тРНК^{Lys} (см. рис. 98) (но не комплекса тРНК^{Leu}₅ · тРНК^{Lys}, время полужизни которого было лишь на порядок меньше, чем у полностью комплементарного комплекса).

Хотя наличие антикодон-кодона сродства необходимо для ложного связывания аминоацил-тРНК на рибосоме, это не значит, что частота ложного связывания будет пропорциональна константе сродства. Именно то обстоятельство, что разное сродство тРНК к кодону определяется главным образом разницей скоростей диссоциации комплекса, а не скоростей ассоциации, делает кинетические параметры работы рибосомы решающими в установлении уровня ложного кодирования.

С одной стороны, если в элонгационном цикле вслед за обратимым кодонзависимым связыванием тРНК быстро следует необратимая или медленно обратимая фаза (например, запираение аминоацил-тРНК в А-участке или транспептидация), то ее скорость будет влиять на уровень ложного кодирования: чем выше скорость последующей необратимой (медленно обратимой) фазы, тем выше ложное кодирование. Действительно, время образования комплекса кодона с правильной и неправильной тРНК приблизительно одинаково, так что дискриминация между ними происходит только путем более быстрого распада неправильного комплекса. Но если скорость следующей фазы цикла чересчур быстра и сравнима со скоростью распада неправильного комплекса, то с большей вероятностью неправильная тРНК окажется вовлеченной в дальнейший цикл. Очевидно, что чем быстрее будет скорость последующей фазы, тем более условия связывания тРНК будут отличаться от равновесных и тем вероятнее окажется захват неправильных тРНК. Наоборот, чем медленнее скорость последующей фазы, тем больше условия будут приближаться к равновесным и тем в большей степени дискриминация правильной и неправильной тРНК будет определяться разницей в их

быстрее и станет конкурировать с основной реакцией 3, т. е. $k_3 > k_2$. Таким образом, дискриминация между правильной и неправильной тРНК осуществляется дважды — по разнице в скоростях распада кодон-антикодонного комплекса в реакции 1 (разница в k_{-1}) и по разнице в скоростях распада кодон-антикодонного комплекса в реакции 3' (разница в k_3). Практически необратимый гидролиз ГТФ служит для разделения этих двух фаз, и в этом смысле освобождаемая свободная энергия, диссипируя в теплоту, повышает точность трансляции.

Разумеется, предлагаемая схема является гипотетической и направлена лишь на то, чтобы показать возможность такого рода кинетической коррекции. В то же время имеются факты, действительно указывающие, что EF-T_u может снижать уровень ошибок в трансляции. Кроме того, имеются независимые данные в пользу существования двух различных фаз в связывании аминоксил-тРНК, на которых может осуществляться распад кодон-антикодонных комплексов.

6. ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ СОБЫТИЙ И МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МЕХАНИЗМЫ

Перебор тРНК

В среде, окружающей транслирующую рибосому, находятся различные аминоксил-тРНК. Из этой смеси рибосома должна выбрать аминоксил-тРНК, соответствующую кодону матрицы в А-участке. Очевидно, чтобы достичь этого, прежде всего должен быть осуществлен быстрый перебор окружающих аминоксил-тРНК (комплексов Aa-tRNA · EF-T_u · GTP), и только та, которая узнается как соответствующая кодону, должна остаться связанной на рибосоме. Такое сканирование предполагает множественные соударения кодона, закрепленного на рибосоме, с антикодонами различных тРНК. Встает вопрос, осуществляется ли это путем случайных диффузионных соударений несвязанных, беспорядочно ориентированных тРНК с рибосомой, или же имеет место быстрое образование и распад короткоживущих комплексов между различными тРНК и рибосомой, где соударения антикодонов с кодоном осуществлялись бы в их нужной ориентации.

Изучение быстрой кинетики процесса связывания тРНК с рибосомой (путем регистрации изменений интенсивности и поляризации флюоресценции профлавиновой метки, присоединенной к антикодонной петле или к D-петле тРНК) свидетельствует скорее в пользу второй альтернативы. Действительно, кинетика связывания тРНК оказалась многофазной. Первая быстрая фаза была интерпретирована как образование промежуточного короткоживущего комплекса, не зависящего от кодона матрицы (рис. 99, реакция 1). Промежуточный короткоживущий комплекс, регистрируемый в экспериментах, формируется в результате столкновения тРНК с рибосомой и, по-видимому, последующей определенной ориентации тРНК. Его образование не зависит ни от присутствия кодона в А-участке, ни от природы присутствующего кодона, т. е., очевидно, происходит без использования кодон-антикодонного взаимодействия. Промежуточный комплекс образуется одинаково как в присут-

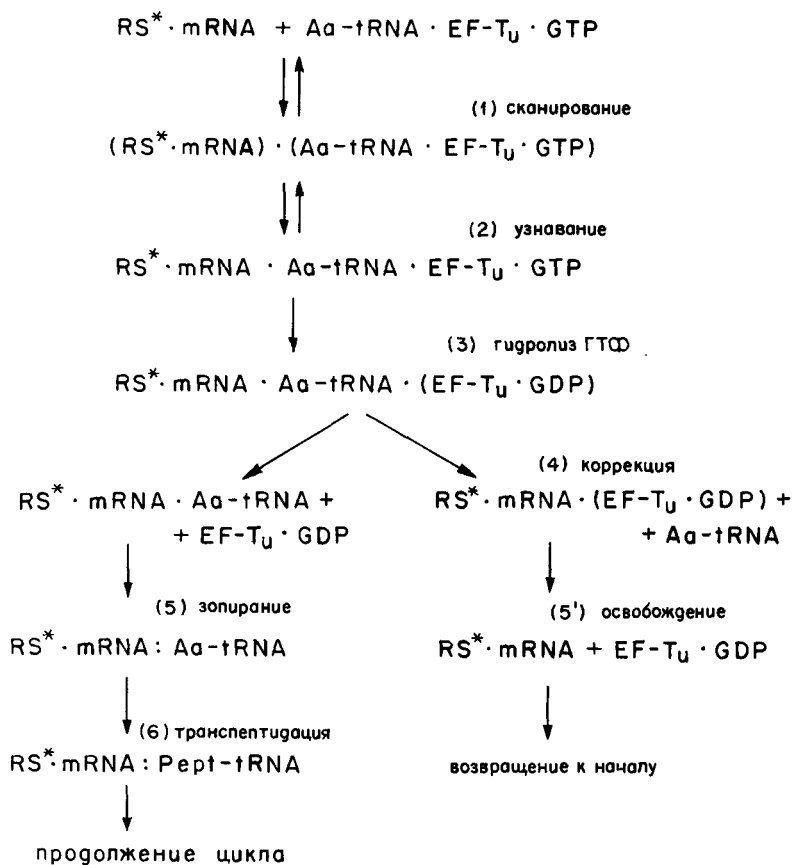


Рис. 99. Реакционный путь поступления аминоацил-тРНК в элонгирующую рибосому:

RS* — элонгирующая рибосома, несущая пептидил-тРНК в Р-участке; точка между компонентами комплекса — обратимая нековалентная связь; двоеточие — запираение (окклюзия) лиганда в комплексе; в скобки взята часть комплекса, находящаяся в быстро обратимой, короткоживущей ассоциации с остальной частью комплекса

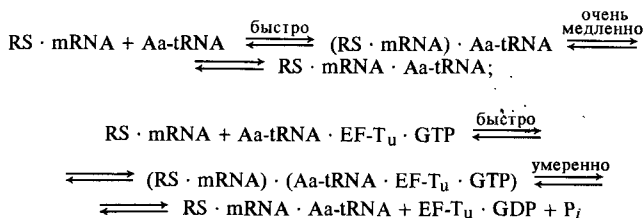
ствии, так и в отсутствие EF-T_u, что указывает также на неучастие фактора в катализе этой первой быстрой фазы связывания.

Можно предполагать, что путем быстрого образования и распада таких комплексов с тРНК происходит перебор антикодонов. Когда антикодон окажется подходящим для кодона, произойдет узнавание, индуцирующее перестройку комплекса, что означает следующую фазу связывания.

Вероятно, в промежуточном короткоживущем комплексе тРНК транзитно связана с участком рибосомы, перекрываемым с А-участком. Скорее всего, здесь принимает участие тРНК-связывающий центр лишь малой субчастицы рибосомы.

Узнавание антикодона

Как показало изучение многофазной кинетики связывания тРНК, при занятом Р-участке и **только** при наличии своего кодона в А-участке за вышеописанной быстрой фазой следовала медленная фаза, в которой промежуточный короткоживущий комплекс перестраивался в стабильный комплекс. В результате тРНК оказывалась специфически связанной в А-участке рибосомы. Без EF-T_u, т. е. в случае неэнзиматического связывания тРНК, этот процесс был очень медленным; EF-T_u с ГТФ сильно ускоряли именно этот процесс:



Процесс, ускоримый EF-T_u с ГТФ, в свою очередь, является многоступенчатым. Он должен начинаться с кодон-антикодового узнавания. По-видимому, только когда антикодон оказывается стерически подогнанным к кодону, может начаться вхождение тРНК в А-участок. В случае узнавания тРНК в составе тройственного комплекса вхождение сопровождается взаимодействием EF-T_u с факторсвязывающим центром 50S субчастицы; скорее всего, это дополнительное взаимодействие способствует вхождению тРНК. Опыты с нерасщепляемыми или медленно расщепляемыми аналогами ГТФ показали, что на этой стадии кодонзависимого связывания аминоксил-тРНК или, точнее, тройственный комплекс Aa-tRNA · EF-T_u · GTP обратимо ассоциирован с рибосомой, так что если распад ГТФ не очень быстр, то может установиться равновесие. Таким образом, на этой стадии происходит первый этап селекции аминоксил-тРНК согласно ее кодовой специфичности (рис. 99, реакция 2).

Если взаимодействие, имевшее место при образовании промежуточного короткоживущего комплекса, сохраняется после кодон-антикодового узнавания, то теперь аминоксил-тРНК оказывается связанной с 70S рибосомой по крайней мере тремя точками — антикодоном через кодон мРНК с 30S субчастицей, аминоксилной ветвью через EF-T_u с 50S субчастицей и неизвестной точкой первоначального взаимодействия (может быть, D-шпилькой, взаимодействующей с головкой 30S субчастицы).

Гидролиз ГТФ

В этом состоянии индуцируется гидролиз EF-T_u-связанного ГТФ (рис. 99, реакция 3). По-видимому, непосредственным индуктором гидролиза является взаимодействие EF-T_u с факторсвязывающим центром 50S субчастицы. Гидролиз ГТФ как практически необратимая фаза (вследствие большой разницы термодинамического потенциала ГТФ

и продуктов его гидролиза) разрывает процесс связывания аминоксил-тРНК на два независимых (не связанных равновесием) этапа. Чем быстрее реакция гидролиза ГТФ следует за узнаванием тРНК, тем ниже будет селективность фазы узнавания. При искусственной задержке гидролиза — например, путем использования медленно гидролизующегося аналога ГТФ, такого как гуанозин-5'-(γ -тио)-трифосфат (см. рис. 87), дискриминация между правильной тРНК и тРНК, близкой по кодовой специфичности (тРНК^{Phe} и тРНК^{Leu}), поднимается до отношения 10^4 к 1 в пользу правильной.

При гидролизе ГТФ на EF-T_u никаких промежуточных фосфорилированных продуктов не обнаруживается. Перенос фосфата осуществляется, вероятно, непосредственно на воду. Таким образом, не видно никакого материального (биохимического) сопряжения гидролиза ГТФ как энергодающей реакции с каким-либо энергопотребляющим процессом. По-видимому, вся свободная энергия гидролиза ГТФ немедленно диссипирует в теплоту (в то же время следует оговориться, что значение свободной энергии гидролиза ГТФ, прикрепленного к фактору, не должна быть равна таковой свободного ГТФ в растворе).

Результатом гидролиза ГТФ является исчезновение или резкое уменьшение средства EF-T_u к аминоксил-тРНК и к рибосоме. Считается, что это обусловлено какой-то конформационной перестройкой EF-T_u, когда он оказывается связан с ГДФ вместо ГТФ.

Коррекция выбора аминоксил-тРНК

После гидролиза ГТФ имеется промежуточный рибосомный комплекс, в котором EF-T_u · GDP не имеет больше средства к аминоксил-тРНК, очень лабильно связан с рибосомой и готов быстро диссоциировать. Однако аминоксил-тРНК также лишилась своей точки прикрепления через EF-T_u. Здесь ей также предоставляется возможность диссоциировать, и если скорость ее диссоциации, как в случае неправильной тРНК, особенно высока, она может успеть освободиться до ухода EF-T_u · GDP (рис. 99, реакция 4, правый путь). Если скорость ее диссоциации в силу правильного кодон-антикодонного взаимодействия не столь высока, то раньше освободится EF-T_u · GDP (рис. 99, реакция 4, левый путь), что повлечет за собой практически необратимый захват аминоксилного конца 50S субчастицей. Таким образом, после гидролиза ГТФ в рибосоме создается, по-видимому, ситуация для дополнительной коррекции того выбора аминоксил-тРНК, который был сделан до гидролиза ГТФ.

Имеются указания на то, что стрептомицин ингибирует именно стадию коррекции в общем процессе кодонзависимого выбора аминоксил-тРНК рибосомой; вероятным объяснением действия антибиотика является задержка возможного освобождения аминоксил-тРНК из рибосомы после гидролиза ГТФ. Хотя для других аминокликозидных антибиотиков, таких как канамицин и неомицин, предполагаются более сложные механизмы их действия, стадия коррекции и здесь, по-видимому, одна из главных мишеней их действия. Мутационные изменения рибосом, наблюдаемые в стрептомицинустойчивых и в *ram*-мутантах,

могут воздействовать либо как на начальную дискриминацию аминоксил-тРНК, так и на стадию коррекции, либо в некоторых случаях избирательно изменять именно корректирующую функцию рибосомы.

Запирание аминоксил-тРНК в А-участке

В целом ряде независимых экспериментов были получены данные о том, что после гидролиза ГТФ и освобождения $EF-T_u \cdot GDP$ из рибосомы аминоксил-тРНК еще до стадии транспептидации оказывается запертой в А-участке. Это и есть окончательная фаза связывания с А-участком — полное связывание с А-участком (рис. 99, реакция 5).

Можно строить различные гипотезы о механизме такого запирания, но его трудно представить без конформационной перестройки тРНК или рибосомы. Одна из возможных гипотез состоит в том, что в 70S рибосоме А-участок не строго фиксирован, а доформируется в процессе кодонзависимого связывания аминоксил-тРНК путем подстройки 30S и 50S субчастиц. Например, уход крупного белка $EF-T_u$ мог бы позволить осуществиться более тесному смыканию («притягиванию») 50S субчастицы к аминоксильному концу аминоксил-тРНК и к 30S субчастице, что вызвало бы как раз запирание аминоксил-тРНК.

Общая схема

Итак, аминоксил-тРНК в ходе энзиматического связывания с мРНК-программированной рибосомой проходит целый ряд последовательных фаз (рис. 99). Вопрос о том, что называть А-участком — лишь положение окончательного (запертого) связывания аминоксил-тРНК, рассматривая предыдущие положения связываемой тРНК как серию последовательных перекрывающихся участков предварительного связывания, или же область рибосомы, в пределах которой возможны разные промежуточные состояния связывания аминоксил-тРНК, — носит скорее терминологический характер. Ясно, что во всяком случае при переходе от фазы к фазе некоторые контакты аминоксил-тРНК с рибосомой могут несколько меняться, но перераспределения на неперекрывающиеся участки нет. Здесь вся совокупность различных возможных перекрывающихся положений аминоксил-тРНК в процессе связывания с рибосомой рассматривается в терминах единого А-участка, с разными состояниями связывания в нем.

Общая схема последовательности событий, описанная выше, дана на рис. 100.

Рекомендуемая литература

Биологическое воспроизведение макромолекул: Пер. с англ./Под ред. В. Л. Рыжкова. М.: ИЛ, 1960. С. 209—246.

Итоги науки и техники. М.: ВИНТИ. Сер. биол. химия, 1983. С. 5—193.

Кемхадзе К. Ш., Одинцов В. Б., Махно В. И. и др. Механизм кодон-антикодонного взаимодействия в рибосоме. Взаимодействие аминоксил-тРНК с 70S рибосомами *Escherichia coli* в отсутствие фактора элонгации $EF-T_u$ и GTP. — Молекул. биол., 1981. Т. 15. С. 779—789.

Руткевич Н. М., Гаврилова Л. П. Рибосомный синтез полилейцина на полиуридилон-

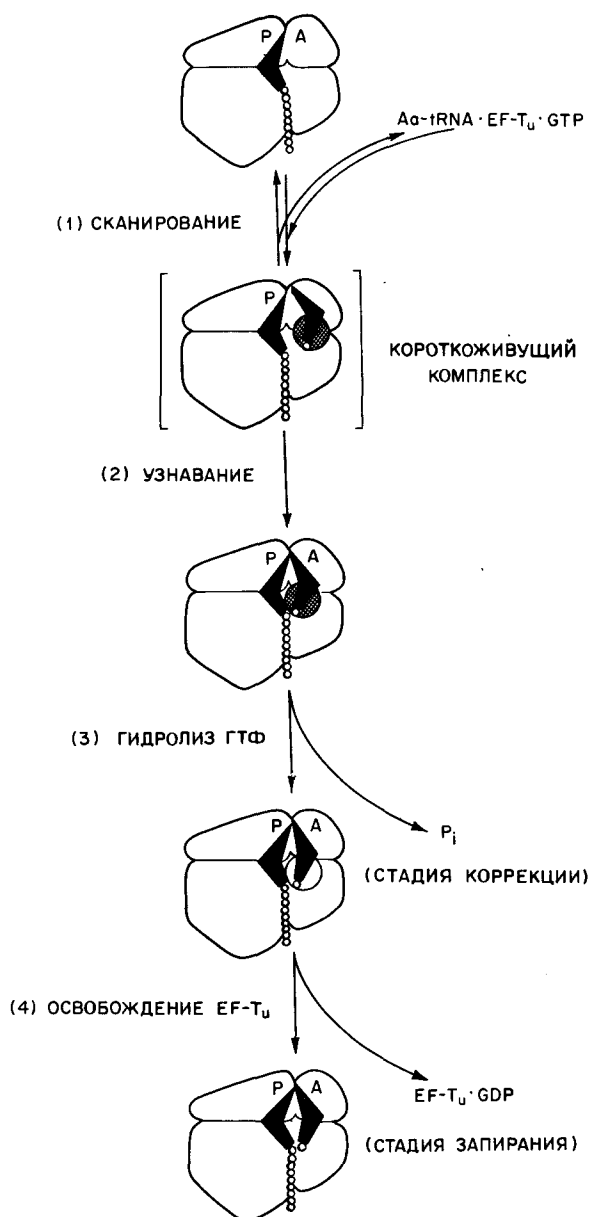


Рис. 100. Схема последовательности событий в процессе связывания аминоксил-тРНК с рибосомой

вой кислоте как матрице в бесклеточной системе трансляции. — Докл. АН СССР, 1980. Т. 254, № 3. С. 766—768.

Шварц В. С., Лысков В. Н. Физические механизмы «рибосомального сита». — Докл. АН СССР, 1974. Т. 217, № 6. С. 1446—1448.

The Mechanism of Protein Synthesis. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1969, v. 34, p. 321—344; 377—384; 419—462.

Chambliss G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 377—444; 555—581; 585—638.

Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1978, v. 21, p. 63—100.

Nomura M., Tissières A., Lengyel P., eds. Ribosomes. N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 871—884.

Sundaralingam M., Rao S. T., eds. Structure and Conformation of Nucleic Acids and Protein-Nucleic Acid Interactions. Baltimore: Univ. Park Press, 1975, p. 101—115.

Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 7—79; 323—373; 467—555.

Chapeville F., Lipmann F., von Ehrenstein G. et al. On the role of soluble ribonucleic acid in coding for amino acids. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1962, v. 48, p. 1086—1092.

Crick F. H. C. Codon-anticodon pairing: The wobble hypothesis. — J. Mol. Biol., 1966, v. 19, p. 548—555.

Davies J. E., Gilbert W., Gorini L. Streptomycin, suppression, and the code. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1964, v. 51, p. 883—890.

Edelman P., Gallant J. Mistranslation in *E. coli*. — Cell, 1977, v. 10, p. 131—137.

Eisinger J., Gross N. The anticodon-anticodon complex. — J. Mol. Biol., 1974, v. 88, p. 165—174.

Gavrilova L. P., Perminova I. N., Spirin A. S. Elongation factor T_u can reduce translation errors in poly(U)-directed cell-free systems. — J. Mol. Biol., 1981, v. 149, p. 69—78.

Goodman H. M., Abelson J., Landy A. et al. Amber suppression: A nucleotide change in the anticodon of a tyrosine transfer RNA. — Nature, 1968, v. 217, p. 1019—1024.

Gorini L. Ribosomal discrimination of tRNAs. — Nature New Biol., 1971, v. 234, p. 261—264.

Hopfield J. J. Kinetic proofreading: a new mechanism for reducing errors in biosynthetic processes requiring high specificity. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1974, v. 71, p. 4135—4139.

Lagerkvist U. «Two out of three»: An alternative method for codon reading. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1978, v. 75, p. 1759—1762.

Lake J. A. Aminoacyl-tRNA binding at the recognition site is the first step of the elongation cycle of protein synthesis. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1977, v. 74, p. 1903—1907.

Lucas-Lenard J., Lipmann F. Separation of three microbial amino acid polymerization factors. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1966, v. 55, p. 1562—1566.

Ninio J. A semi-quantitative treatment of missense and nonsense suppression in the *strA* and *ram* ribosomal mutants of *Escherichia coli*. Evaluation of some molecular parameters of translation *in vivo*. — J. Mol. Biol., 1974, v. 84, p. 297—313.

Wintermeyer W., Robertson J. M. Transient kinetics of transfer ribonucleic acid binding to the ribosomal A and P sites: Observation of a common intermediate complex. — Biochemistry, 1982, v. 21, p. 2246—2252.

Глава III

ЭЛОНГАЦИЯ: ТРАНСПЕПТИДАЦИЯ (ОБРАЗОВАНИЕ ПЕПТИДНОЙ СВЯЗИ)

1. ХИМИЯ РЕАКЦИИ

Когда пептидил-тРНК занимает Р-участок, а аминоацил-тРНК окончательно связалась в А-участке, их 3'-концы оказываются сближенными в районе пептидилтрансферазного центра на 50S субчастице. Происходит нуклеофильная атака на карбонил сложноэфирной груп-

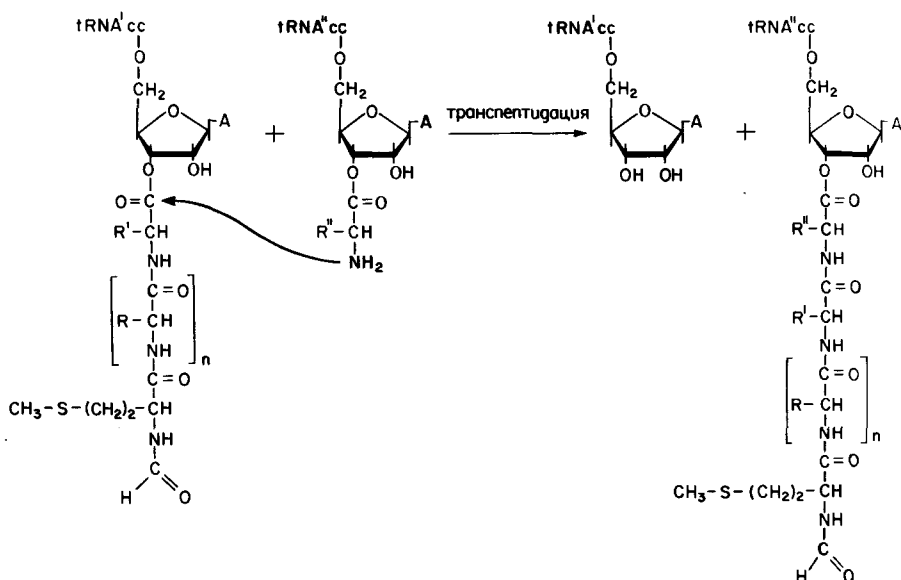


Рис. 101. Реакция транспептидации, катализируемая рибосомой

пы между пептидным остатком и тРНК молекулы пептидил-тРНК **аминогруппой** аминокислотного остатка аминоксил-тРНК. В результате вместо сложноэфирной связи образуется амидная (пептидная) связь между пептидным остатком и аминоксил-тРНК (рис. 101). Таким образом, субстратами реакции являются пептидил-тРНК и аминоксил-тРНК. Пептидил-тРНК называется *донорным* субстратом, а аминоксил-тРНК — *акцепторным* субстратом. Продуктами реакции являются деацилированная тРНК и пептидил-тРНК, в которой пептидный остаток оказывается удлинённым на один аминоксил-тРНК и присоединённым к тРНК в А-участке. Схематически это показано на рис. 102.

Уже отмечалось, что вместо аминоксил-тРНК в качестве акцепторного (нуклеофильного) субстрата в реакции с пептидил-тРНК могут участвовать 3'-концевые фрагменты аминоксил-тРНК, аминоксил-эфир аденозина или пурицина.

Во всех случаях реакция идет, только если NH₂-группа находится в α-положении аминоксил-тРНК. Аминоксил-тРНК должен иметь L-конфигурацию. В пептидилтрансферазном центре аминоксил-тРНК должен быть присоединен в 3'-положении (но не в 2'-положении) концевой аденозина тРНК или другого акцепторного субстрата. Последнее обстоятельство заслуживает некоторых комментариев. Так, в растворе аминоксил-тРНК может мигрировать между 2'- и 3'-гидроксилами рибозы концевой аденозина тРНК (см. рис. 27). Связывание аминоксил-тРНК с EF-T_u разрешено при обоих положениях амино-

ацильного остатка, и как тройственный комплекс $\text{Aa-(2')tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GTP}$, так и $\text{Aa-(3')tRNA} \cdot \text{EF-T}_u \cdot \text{GTP}$ могут связываться с рибосомой. По-видимому, после гидролиза ГТФ и потери сродства к EF-T_u (стадия коррекции) также разрешена миграция аминокислотного остатка между 2'- и 3'-положениями. Однако аминокислотный остаток именно в 3'-положении фиксируется пептидилтрансферазным центром (стадия запираания).

Свободный 2'-гидроксил рибозы акцепторного субстрата не существует для реакции транспептидации; когда он замещен (например, метилирован) или вообще отсутствует (2'-дезоксипроизводное), акцепторная активность субстрата сохраняется. Однако для активности **донорного субстрата** рибозный 2'-гидроксил оказывается необходимым.

Транспептидация в рибосоме — самый быстрый шаг элонгационного цикла по сравнению со связыванием аминокислот-тРНК и с транслокацией. Во всяком случае, ни при каких условиях она, по-видимому, не является лимитирующей стадией цикла.

Механизм катализа реакции транспептидации рибосомой служил предметом многих исследований и дискуссий. Имеется целый ряд указаний на участие имидазольного остатка гистидина какого-то рибосомного белка в катализе. Однако все попытки выделить промежуточное ацилферментное (ацилрибосомное) производное, типа того, что образуется при катализе реакций гидролиза и транспептидации протеиназами, были безуспешны. (Возможно, его и не должно быть в искомом виде, поскольку пептидил-тРНК уже является активированным макромолекулярным ацилпроизводным, которое может рассматриваться как функциональный аналог ацилферментной группы.) Многие считают, что транспептидация в рибосоме катализируется просто вследствие надлежащей пространственной ориентации и сближения реагирующих групп аминокислот-тРНК и пептидил-тРНК, без химического каталитического участия каких-либо специальных нуклеофильных групп пептидилтрансферазного центра. В пользу последнего предположения приводятся данные о малой специфичности пептидилтрансферазного центра по отношению к типу связи, образование которой может быть им катализировано. Действительно, если к тРНК или аналогу ее 3'-конца присоединен не аминокислотный остаток, а оксикислотный ($\text{HO}-\text{CHR}-\text{CO}-$ вместо $\text{H}_2\text{N}-\text{CHR}-\text{CO}-$), то такое производное тоже является хорошим акцепторным субстратом, и в результате реакции образуется сложнэфирная связь. Подобным же образом, если акцепторным субстратом служит тиоацильное производное, рибосомный пептидилтрансферазный центр катализирует образование тиоэфирной связи. Более того, донорный субстрат также может

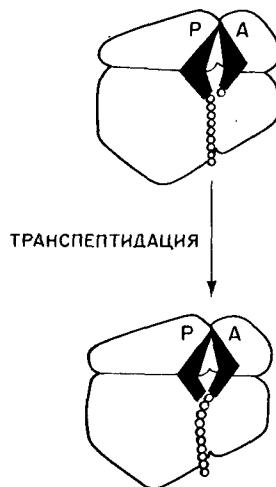
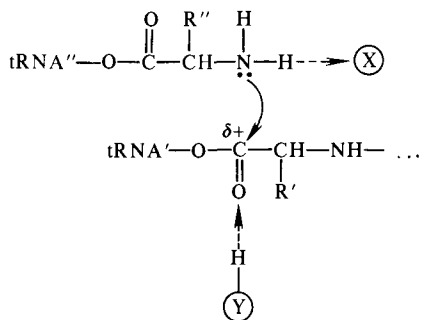


Рис. 102. Схема транспептидации на рибосоме

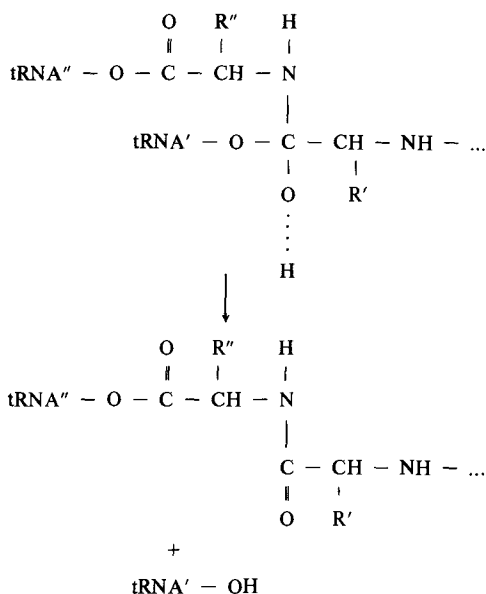
представлять собой какое-либо производное, и, например, рибосома может катализировать атаку аминокруппы акцепторного субстрата на тиоэфирную группу донорного субстрата с образованием тиамидной связи. Наконец, было показано, что фосфиноэфирный аналог донорного субстрата может реагировать с аминокцил-тРНК в пептидилтрансферазном центре рибосомы, в результате чего образуется неприродная фосфиноамидная связь. Последний факт особенно важен, так как геометрия атакуемой группы и переходного состояния этой реакции (треугольная бипирамида) сильно отлична от таковой в случае нормального донорного субстрата (см. В.Ш.4); нуклеофильный катализ вряд ли совместим с реализацией реакций обоих типов одним и тем же пептидилтрансферазным центром.

В то же время, однако, рибосомная пептидилтрансфераза в определенных условиях способна использовать воду и низкомолекулярные простые спирты типа метанола и этанола как акцепторные субстраты, производя гидролиз или алкоголиз пептидил-тРНК (см. гл. В.VIII). Последнее трудно объяснить в рамках механизма чисто ориентационного действия рибосомной пептидилтрансферазы.

Наиболее разумной кажется гипотеза о том, что ориентационный эффект пептидилтрансферазного центра действительно принципиально важен в осуществлении реакции транспептидации на рибосоме, но что он может дополняться вкладом специфического микроокружения, способствующего реакции. Не исключено, что вблизи субстратов, ориентированных надлежащим образом в рибосоме, локализируются группы, оттягивающие на себя протон от NH_2 -группы акцептора, тем самым увеличивая его нуклеофильность, и могущие способствовать протонированию карбонильного кислорода, увеличивая электрофильность атакуемого углерода сложноэфирной группы донора:

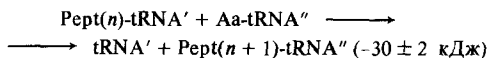


Так или иначе, кажется несомненным, что реакция должна идти по механизму S_N2 нуклеофильного замещения через промежуточное «тетраэдрическое» соединение:



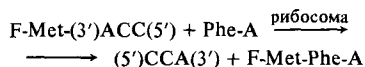
2. ЭНЕРГЕТИКА РЕАКЦИИ

Стандартная свободная энергия гидролиза сложноэфирной связи между тРНК и карбонилем аминокислотного или пептидного остатка $\Delta G^{\circ'}$ составляет около -30 кДж/моль ($-7 - -8$ ккал/моль). Стандартная свободная энергия гидролиза пептидной связи в полипептиде бесконечной длины оценивается около -2 кДж/моль ($-0,5$ ккал/моль). Таким образом, если бы субстраты реакции черпались бы непосредственно из раствора, а продукты реакции освобождались бы в раствор, то свободная энергия, освобождающаяся в результате транспептидации в стандартных условиях, составила бы около -30 кДж/моль ($-6,5 - -7,5$ ккал/моль):



Такой формальный расчет обычно приводится в подтверждение энергетической обеспеченности и термодинамической спонтанности процесса транспептидации в рибосоме.

Однако на самом деле таким путем можно оценивать лишь модельные реакции, катализируемые рибосомой или 50S субчастицей между низкомолекулярными субстратами типа



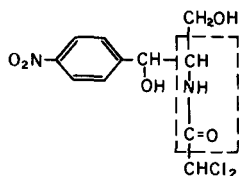
Здесь субстраты достигают пептидилтрансферазного центра прямо из раствора, а продукты немедленно и спонтанно освобождаются в раствор

В элонгационном цикле один субстрат всегда связан с рибосомой, а другой попадает в пептидилтрансферазный центр из заранее связанного состояния; один из продуктов реакции не освобождается в раствор (до конца трансляции), а другой продукт освобождается не в результате транспептидации, а в результате последующего, более или менее независимого, шага элонгационного цикла (транслокации). Все это делает невозможным даже приблизительную оценку изменения свободной энергии в самой реакции транспептидации в процессе нормального элонгационного цикла на рибосоме. Конечно, из того факта, что реакция протекает, и быстро, следует вывод об уменьшении свободной энергии рибосомного комплекса при транспептидации. Однако это уменьшение не может быть столь значительным, как -30 кДж/моль (-7 ккал/моль) в стандартных условиях, а должно быть меньше по следующим соображениям. Во-первых, свободная энергия гидролиза связанного субстрата, при условии освобождения продуктов гидролиза, должна быть меньше таковой свободного субстрата, так как часть энергии должна была освободиться при связывании, если оно было спонтанным. Во-вторых, свободная энергия гидролиза субстрата, когда продукт задерживается в связанном виде, тоже должна быть меньше таковой в случае, когда продукт освобождается, так как в связанном состоянии продукта аккумулярована часть свободной энергии, если освобождение продукта является в принципе термодинамически спонтанным. Можно считать, что свободная энергия около -30 кДж/моль (-7 ккал/моль), которая освободилась бы в реакции транспептидации в случае, когда субстраты и продукты свободны, здесь распределяется на предыдущую стадию связывания аминоацил-тРНК и последующую стадию транслокации, таким образом питая весь элонгационный цикл.

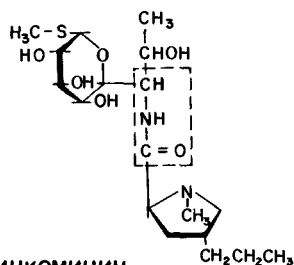
3. ИНГИБИТОРЫ

Существует много специфических ингибиторов пептидилтрансферазной реакции, катализируемой как прокариотическими, так и эукариотическими рибосомами. Все они, как и можно было ожидать, действуют на большую (50S или 60S соответственно) субчастицу рибосомы и имеют к ней большее или меньшее сродство. Многие классические антибиотики, используемые для лечения бактериальных инфекций, — ингибиторы пептидилтрансферазы прокариотической 70S рибосомы.

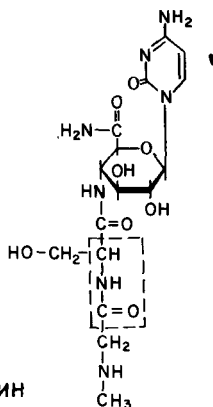
Хлорамфеникол. Самый известный ингибитор пептидилтрансферазы 70S рибосомы это, пожалуй, хлорамфеникол (хлоромитетин) (рис. 103). Он является бактериостатическим антибиотиком широкого спектра действия. На эукариотические 80S рибосомы он не действует. В химическом отношении он представляет собой N-блокированный аминоспирт с ароматическим радикалом. Дихлорметильная группа не обязательна для активности: она может быть заменена на многие умеренно массивные радикалы. Ароматическая



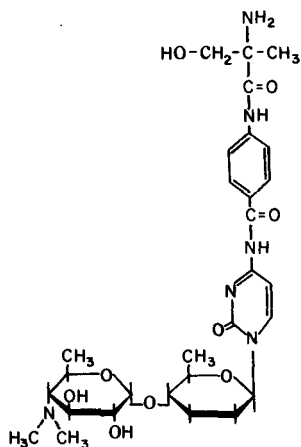
ХЛОРАМФЕНИКОЛ



ЛИНКОМИЦИН



ГУГГЕРОТИН



АМИЦЕТИН

Рис. 103. Антибиотики — ингибиторы пептидилтрансферазного центра рибосомы

нитрогруппа также может быть заменена на ряд других электроотрицательных групп без потери активности антибиотика. В связи с механизмом действия антибиотика заслуживает внимания амидная связь и стереохимия —CO—NH— группы с прилегающими атомами, по-видимому, имитирующая стереохимию пептидной группы с прилегающим C^α -атомом и боковым радикалом.

Хлорамфеникол связывается с 70S рибосомой или с ее изолированной 50S субчастицей довольно нестабильно и легко может быть отмыт. Соответственно, действие антибиотика обратимо. По-видимому, он связывается с участком пептидилтрансферазного центра, ответственным за взаимодействие с акцепторным субстратом; во всяком случае, пуромин и 3'-концевые фрагменты

аминоацил-тРНК конкурируют с хлорамфениколом за связывание с пептидилтрансферазным центром. Различные химически активные и фотоактивируемые производные хлорамфеникола могут быть ковалентно сшиты с его ближайшим окружением в рибосоме, в частности с антибиотиком, когда он связан с пептидилтрансферазным центром, сшиваются белки L2, L16, L24 и L27.

Хлорамфеникол ингибирует как естественную транспептидацию между пептидил-тРНК и аминоацил-тРНК в ходе элонгационного цикла, так и реакцию пептидил-тРНК или ее аналогов с пурамицином. Простейшее объяснение состоит в том, что хлорамфеникол является неактивным аналогом акцепторного субстрата и, связываясь с пептидилтрансферазным центром, конкурентно мешает взаимодействию настоящих акцепторов. Однако имеются указания также и на неконкурентный способ ингибирующего действия хлорамфеникола; и не исключено, что, связываясь, антибиотик подавляет какую-то каталитическую функцию пептидилтрансферазного центра.

Линкомицин. Этот антибиотик (рис. 103) также действует только на бактериальные 70S рибосомы, но не на эукариотические 80S рибосомы. Место связывания антибиотика — пептидилтрансферазный центр на 50S субчастице. Линкомицин конкурирует с хлорамфениколом за связывание с рибосомой. По-видимому, он ингибирует взаимодействие акцепторного субстрата с пептидилтрансферазным центром по конкурентному механизму. Химическая структура линкомицина, как и хлорамфеникола, характеризуется наличием амидной связи и группы, имитирующей пептидную группу, смежную с C^α-атомом аминокислотного остатка (только вместо кислоты здесь опять спирт).

4-аминогексозо-пиримидин-нуклеозидные антибиотики. Сюда относятся такие ингибиторы рибосомной транспептидации, как гугеротин, амицетин, бластицидин S, бамицетин и некоторые другие. Химические формулы гугеротина и амицетина даны на рис. 103. Все антибиотики этой группы имеют нуклеозидную структуру и могут рассматриваться как аналоги 3'-концевого аденозина тРНК. Кроме того, в гугеротине (и бластицидине S) можно видеть тот же структурный мотив, что в хлорамфениколе и линкомицине — пептидные группы с примыкающими C^α-атомами. Антибиотики этой группы действуют на бактериальные рибосомы, но некоторые из них (гугеротин, бластицидин S) могут быть ингибиторами также и эукариотических рибосом. Все они связываются с 50S субчастицей рибосомы и ингибируют взаимодействие акцепторных субстратов с пептидилтрансферазным центром рибосомы. Интересно, что их связывание стимулирует взаимодействие низкомолекулярных аналогов донорного субстрата с пептидилтрансферазным центром.

Анизомидин. Этот антибиотик ингибирует транспептидацию только на эукариотических рибосомах. Он связывается с 60S субчастицей и является конкурентным ингибитором пурамицина. Очевидно, он, как и вышеперечисленные антибиотики, мешает взаимодействию акцепторного субстрата с пептидилтрансферазным центром эукариотической рибосомы. Анизомидин — сильный инги-

битор и может полностью блокировать процесс элонгации, остановив рибосомы на мРНК и, таким образом, «заморозив» полирибосомы.

4. СТЕРЕОХИМИЯ

Знание конформации реагирующих субстратов в пептидилтрансферном центре рибосомы имеет ключевое значение для понимания молекулярного механизма реакции транспептидации, катализируемой рибосомой. Однако какие-либо прямые сведения о тех конформациях, в которых 3'-концы тРНК и примыкающие аминокислотные остатки реагируют друг с другом, отсутствуют.

В отношении акцепторного субстрата реакции некоторые сведения могло бы дать изучение пурамицина и его аналогов. Так, известна конформация пурамицина в кристалле, определенная рентгеноструктурным анализом (рис. 104). Она подтверждается исследованиями пурамицина в растворе. Так как пурамицин — хороший акцепторный субстрат в реакции транспептидации, знание его структуры может привести к некоторым суждениям о стереохимии аминокислотного и аденозинного остатков в пептидилтрансферном центре. Далее, известно, что аналог с более фиксированной конформацией, типа изображенного на рис. 105, тоже может служить в качестве акцепторного субстрата в реакции транспептидации, и даже более активен, чем пурамицин. Здесь фиксирована ориентация пуринового кольца относительно рибозы (так называемая «анти»-ориентация), и это позволяет думать, что именно она

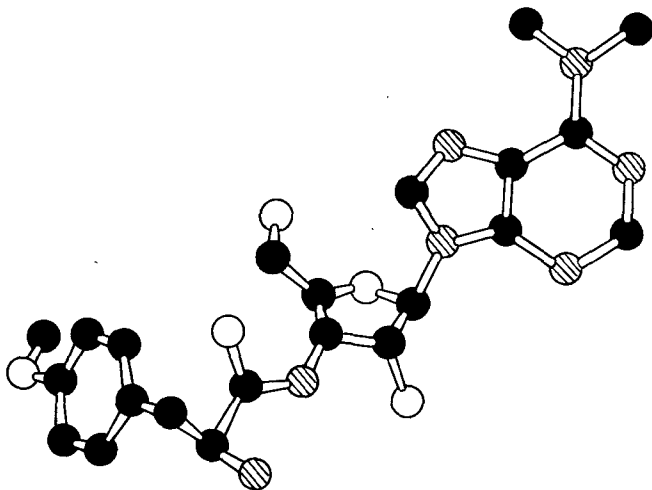


Рис. 104. Шаро-стержевая скелетная модель пурамицина (без водородов), основанная на данных рентгеноструктурного анализа (по M. Sundaralingam et al. J. Mol. Biol., 1972, v. 71, p. 49–70):

черные кружки — углерод; заштрихованные кружки — азот; полные кружки — кислород

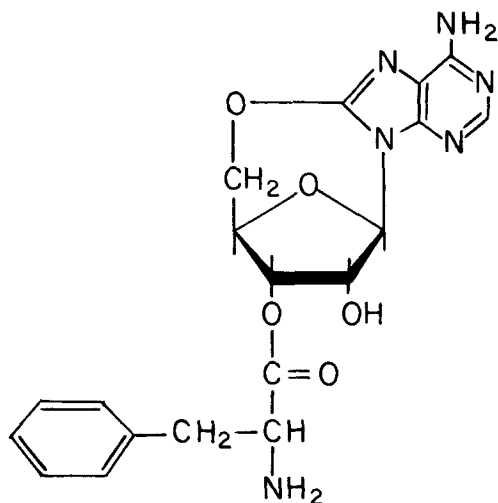


Рис. 105. Активный аналог пурамицина с фиксированной «анти»-ориентацией пуринового кольца (по А. А. Kravetsky, М. К. Kukhanova In: Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology, N. Y.: Academic Press, 1979, v. 23, p. 1–51):

(В противоположной «син»-ориентации кольцо повернуто на 180° вокруг N-гликозидной связи, так что C8 кольца обращен от C5 рибозы.)

субстратов на основании чисто стереохимического анализа.

Прежде всего следует учесть, что рибосома катализирует нормальную реакцию транспептидации также и в том случае, когда субстратом является пролиновый остаток. Пролин, в отличие от остальных аминокислот, имеет стерически ограниченный угол поворота вокруг связи $C^\alpha-N$ (так как эта связь входит в состав кольцевой структуры). В случае пролинового остатка в **донорном субстрате** это ограничение будет задавать определенный фиксированный угол между плоскостью ($N_i-C_i^\alpha-C_i'$) и плоскостью примыкающей пептидной группы ($N_i-C_{i-1}'-O_{i-1}$), равный приблизительно 60° (рис. 106). В пептидной химии угол, определяемый поворотом вокруг связи $C^\alpha-N$, обозначается как угол ϕ ; в данном случае его значение считается -60° , так как плоскость пептидной группы повернута на 60° против часовой стрелки, если смотреть от C^α -атома. Поскольку любой аминокислотный остаток должен быть установлен в пептидилтрансферазном центре эквивалентным образом, то, очевидно, угол ϕ должен быть подогнан к тому же значению путем вращения вокруг связи $C^\alpha-N$ для всех других 19 типов остатков донорного субстрата (имеется в виду С-концевой остаток растущего пептида, связанный с тРНК и участвующий в транспептидации).

Далее, из рассмотрения химии реакции следует, что при реакции транспептидации имеет место нуклеофильная атака на атом углерода

реализуется в 3'-концевом аденозине акцепторного субстрата в пептидилтрансферазном центре. К сожалению, никаких уверенных заключений о той конформации, которую принимает аминоацильный остаток в пептидилтрансферазном центре, откуда сделать не удается.

Вместе с тем следует полагать, что все аминоацильные остатки акцепторного субстрата, с одной стороны, и С-концевые аминоацильные остатки донорного субстрата — с другой, устанавливаются и предъявляются друг другу пептидилтрансферазным центром рибосомы одним и тем же эквивалентным образом, независимо от их типа. Руководствуясь этим важнейшим правилом, можно попытаться вывести некоторые заключения о конформациях реагирующих

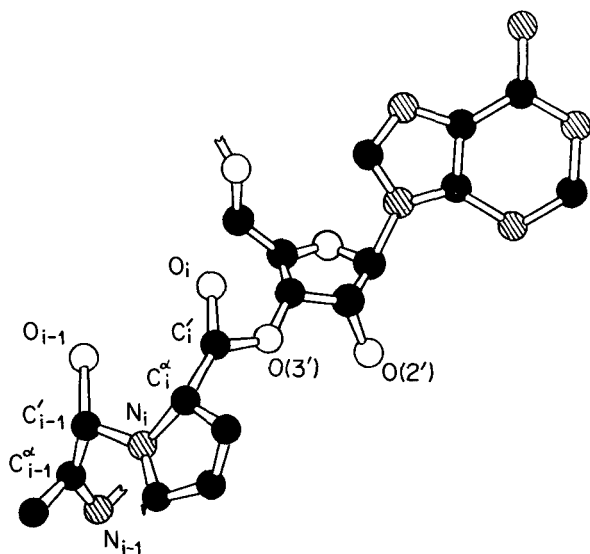
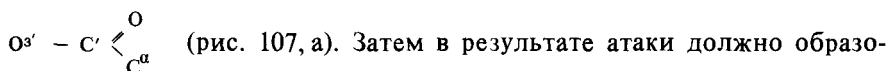


Рис. 106. Шаро-стержевая скелетная модель (без водородов) остатка аланилпролиладенозина как донорного субстрата в пептидилтрансферазном центре рибосомы (предоставлено В. И. Лимом, Институт белка АН СССР, Пушино):

обозначения атомов те же, что на рис. 104; атомы С-концевого остатка пролина помечены индексом i ; атомы предшествующего остатка аланина — $i-1$.

карбонильной группы по механизму S_N2 замещения*. Известно, что такая атака осуществляется приблизительно **перпендикулярно** плоскости, в которой лежит сложнэфирная группа, в данном случае



ваться промежуточное соединение, где валентные связи атакуемого карбонильного углерода C'_i донорного субстрата направлены к вершинам тетраэдра («**тетраэдрический интермедиат**») (рис. 107, б).

С другой стороны, следует напомнить, что атакующая NH_2 -группа должна быть депротонированной, т. е. атом азота должен иметь свободную неподеленную пару электронов; следовательно, пептидилтрансферазный центр должен обеспечить депротонирование аминокислотного остатка акцепторного субстрата. До образования пептидной связи атом азота имеет три валентные связи, направленные к вершинам тетраэдра, в то время как к четвертой вершине направлена орбиталь неподеленной пары электронов. Из стереохимического анализа следует, что при нуклеофильной атаке направление

* См., напр., P. Sykes. A Guide-Book to Mechanisms in Organic Chemistry, 4th Edition, Longman Publishers, L-N-Y, 1981, pp. 200–239; З. А. Шабарова и А. А. Богданов. Химия нуклеиновых кислот и их компонентов. — М.: Химия, 1978.

свободной валентности атакующего атома азота должно быть строго определенным: плоскость, образованная этим направлением и связью $N_{i+1}-C'_{i+1}$, должна быть под углом около 120° к плоскости $(N_{i+1}-C'_{i+1}-C'_{i+1})$ акцепторного аминокислотного остатка (рис. 107, а); при любых других ориентациях нуклеофильная атака карбонильной группы невозможна из-за стерических препятствий. После образования пептидной связи это определит угол $\varphi = -60^\circ$ во вновь добавленном аминокислотном остатке продукта (рис. 107, в).

Стереохимический анализ, учитывающий все вышеизложенные обстоятельства, показывает, что эффективная нуклеофильная атака в пептидилтрансферазном центре рибосомы возможна только в том случае, если угол между плоскостью сложноэфирной группы

$C'_i \begin{smallmatrix} \nearrow O \\ \searrow \end{smallmatrix}$ и плоскостью $(C'_i-C'_i-N_i)$, задаваемый вращением вокруг

связи $C'_i-C'_i$ в атакуемом аминокислотном остатке донорного субстрата (пептидил-тРНК), будет около 60° (рис. 107, а). После реакции транспептидации он станет углом ψ со значением около -60° (поворот вокруг связи $C^\alpha-C'$ на 60° против часовой стрелки, если смотреть от C^α -атома) (рис. 107, в).

Таким образом, конформация донорного аминокислотного остатка в пептидилтрансферазном центре рибосомы должна быть такой же, как конформация аминокислотного остатка в α -спирали ($\varphi = -50^\circ$, $\psi = -60^\circ$). Более того, акцепторный аминокислотный остаток атакует донорный остаток в такой ориентации, что реакция транспептидации дает в результате удлиненный остов $N_i-C'_i-N_{i+1}-C'_{i+1}$ с параметрами α -спиральной конформации.

Независимо от этого результата стереохимического анализа правило эквивалентной (универсальной) установки любого аминокислотного остатка в пептидилтрансферазном центре рибосомы приводит к выводу, что вновь включаемый в полипептидную цепь остаток оказывается всегда в заданной стандартной конформации его остова, с одними и теми же значениями углов поворота вокруг связей $C^\alpha-C'$ и $C^\alpha-N$. Это с неизбежностью значит, что пептидилтрансферазный центр будет строить спиральную конформацию пептида. Неудивительно, если пептид строится в одной из стерически и энергетически наиболее выгодных спиральных конформаций, каковой является α -спираль. Эта стартовая конформация затем перестраивается в конформацию с уникальной трехмерной структурой. То обстоятельство, что складывание полипептидной цепи *in vivo*, может быть, начинается вовсе не с беспорядочного или вытянутого состояния полипептидной цепи, а путем перестройки спиральной структуры, может создавать уникальные возможности для быстрого и правильного пути поиска конечных конформаций в белковой молекуле.

Рекомендуемая литература

Итоги науки и техники. Сер. молекул. биол. — М.: ВИНТИ, 1977. Т. 9. С. 6—115.

Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. — N. Y.: Acad. Press, 1979, v. 23, p. 1—51.

Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. — N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 413–442; 468–553.

Caskey C. T., Beaudet A. L., Scolnick E., Rosman M. Hydrolysis of fMet-tRNA by peptidyl transferase. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1971, v. 68, p. 3163–3167.

Krayevsky A. A., Kukhanova M. K., Gottikh B. P. Peptidyl transferase centre of bacterial ribosomes: substrate specificity and binding sites. — Nucleic Acids Res., 1975, v. 2, p. 2223–2236.

Monro R. E. Catalysis of peptide bond formation by 50S ribosomal subunits from *Escherichia coli*. — J. Mol. Biol., 1967, v. 26, p. 147–151.

Scolnick E., Milman G., Rosman M., Caskey T. Transesterification by peptidyl transferase. — Nature, 1970, v. 225, p. 152–154.

Traut R. R., Monro R. E. The puromycin reaction and its relation to protein synthesis. — J. Mol. Biol., 1964, v. 10, p. 63–72.

Глава IV

ЭЛОНГАЦИЯ: ТРАНСЛОКАЦИЯ

1. ОПРЕДЕЛЕНИЕ И ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ ТЕСТЫ

Итак, в результате реакции транспептидации новоудлиненная пептидил-тРНК занимает А-участок рибосомы, а деацилированная тРНК находится в Р-участке (рис. 108, слева). Другими словами, продукты реакции из рибосомы не освобождены и занимают положения, предназначенные для субстратов. Естественно, что в этом состоянии рибосома не способна осуществлять дальнейшую элонгацию.

Транслокацией называется внутририбосомный переход пептидил-тРНК из положения продукта реакции (из А-участка), где она не способна участвовать в транспептидации в качестве донора пептидила, в положение субстрата реакции (в Р-участок), где она опять сможет реагировать с другим, акцепторным, субстратом. Этот переход непосредственно сопряжен с освобождением второго продукта реакции, деацилированной тРНК, из рибосомы (из Р-участка). Транслокация сопровождается передвижением матричного полинуклеотида относительно рибосомы на один кодон и появлением компетентности к связыванию второго субстрата, аминоацил-тРНК (с вакантным А-участком).

Изменение функционального состояния рибосомы как результат транслокации схематически показано на рис. 108. Итак, пептидил-тРНК перемещается в Р-участок, деацилированная тРНК вытесняется из Р-участка, матрица передвигается на длину одного кодона и А-участок с новым кодоном оказывается вакантным.

В соответствии с вышесказанным, имеются четыре способа измерения транслокации, основанных на одном из следующих критериев: 1) реакция транспептидации с низкомолекулярным акцепторным субстратом — пурамином; 2) связывание аминоацил-тРНК; 3) освобождение деацилированной тРНК; 4) передвижение матричного полинуклеотида.

1. Пурамициновая реакция — наиболее простой и распространенный тест. Как уже говорилось, пурамицин представляет собой низкомолекулярный аналог аминоацил-тРНК (см. рис. 89), служащий акцеп-

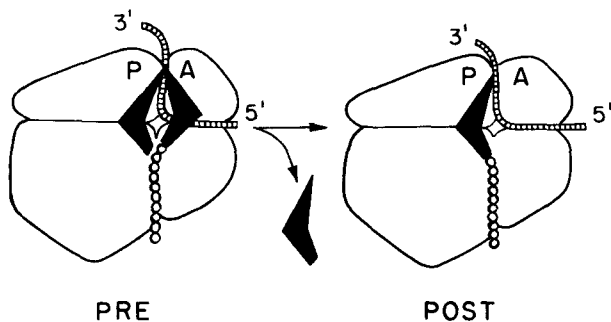


Рис. 108. Схемы претранслокационного (слева) и посттранслокационного (справа) состояний рибосомы

горным субстратом для пептидилтрансферазного центра рибосомы: **аминогруппа** его **аминоацильного остатка** атакует сложноеэфирную группировку пептидил-тРНК (или ее аналога) как донорного субстрата, в результате чего между ними происходит реакция **транспептидации**, и пептидилпурамицин выпадает из рибосомы. Пептидил-тРНК в **посттранслокационной** рибосоме реагирует с пурамицином, а в **претранслокационной** рибосоме — нет. Отсюда, если пептидильный остаток мечен, то освобождение метки из рибосомы в ответ на добавление пурамицина свидетельствует о компетентности рибосомы к пурамициновой реакции, т. е. о нахождении пептидил-тРНК в Р-участке, и является количественной мерой **посттранслокационного** состояния в изучаемом препарате рибосом. Наоборот, некомпетентность к пурамицину говорит о **претранслокационном** состоянии частиц.

2. **Связывание** **аминоацил-тРНК** также может служить количественной мерой **транслокации** (для тестирования удобно пользоваться меченой **аминоацил-тРНК**). Кодонзависимое связывание **аминоацил-тРНК** с **транслирующей** рибосомой непосредственно после реакции **транспептидации** оказывается невозможным; метка будет связываться только после **транслокации**. Следовательно, неспособность к связыванию **аминоацил-тРНК** означает **претранслокационное** состояние рибосомы, а компетентность к связыванию **аминоацил-тРНК** характеризует **посттранслокационное** состояние.

3. Освобождение **деацилированной тРНК** из **транслирующей** рибосомы сопряжено с **транслокацией**. Поэтому, если остаток тРНК молекулы пептидил-тРНК, удерживаемой в рибосоме, мечен, то после реакции **транспептидации** метка будет еще обнаруживаться в рибосоме (**деацилированная тРНК** остается в Р-участке), и только **транслокация** будет освобождать метку в раствор. Поэтому для **транслирующей** рибосомы удержание **деацилированной тРНК** отражает **претранслокационное** состояние, а отсутствие **деацилированной тРНК** свидетельствует о **посттранслокационном** состоянии. Освобождение **деацилированной тРНК** из рибосомы в раствор является очень удобным количественным тестом для **прослеживания** хода **транслокации** в популяции рибосом.

4. Перемещение матричного полинуклеотида как тест транслокации наиболее сложен в техническом отношении. Он может быть или непрямой, когда основан на появлении компетентности к связыванию аминоацил-тРНК, специфической к кодону, следующему за ранее фиксированным в рибосоме, или прямым, если анализируется непосредственно изменение закрытого (защищаемого) рибосомой отрезка матрицы. В прямом тесте было показано, что сдвиг полинуклеотидной матрицы относительно рибосомы на один триплет нуклеотидов сопровождается появлением компетентности к пурамицину и к связыванию аминоацил-тРНК.

2. УЧАСТИЕ ФАКТОРА ЭЛОНГАЦИИ (EF-G или EF-2)

Транслокация катализируется довольно крупным белком, называемым фактором элонгации G (EF-G) у прокариот или фактором элонгации 2 (EF-2) у эукариот. Молекулярная масса EF-G — около 80000; он представляет собой одну полипептидную цепь длиной 701 аминокислотный остаток (в случае *E. coli*), образующую несколько глобулярных доменов. Эукариотический EF-2 несколько крупнее EF-G; его молекулярная масса у млекопитающих и ряда других животных — около 95000. EF-G (или, соответственно, EF-2) взаимодействует с ГТФ и с рибосомой. При этом взаимодействии наводится ГТФазная активность, и ГТФ расщепляется до ГДФ и ортофосфата. При взаимодействии (комплексобразовании) EF-G и ГТФ с претранслокационной рибосомой происходит быстрая транслокация, а EF-G, ГДФ и ортофосфат освобождаются из комплекса с рибосомой.

Взаимодействие EF-G (или EF-2) с ГТФ значительно слабее, чем аналогичное взаимодействие EF-T_u (или EF-1) с ГТФ. Образующийся комплекс EF-G · GTP не стабилен и быстро обратим (комплекс EF-2 · GTP несколько стабильнее). Тем не менее, его образование является необходимой предпосылкой для взаимодействия EF-G с рибосомой. Считается, что ГТФ индуцирует какое-то конформационное изменение белка (EF-G или EF-2), которое дает в результате сродство к рибосоме. В этом отношении ГТФ очень специфичен и не может быть заменен ни другими нуклеозидтрифосфатами, ни какими бы то ни было нуклеозидмоно- и дифосфатами. Однако он может быть заменен нерасщепляемыми аналогами ГТФ — гуанилилметилendifосфонатом (GMPPCP) или гуанилилимидодифосфатом (GMPPNP) (см. рис. 87).

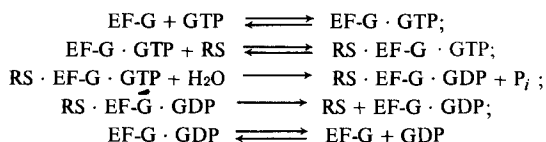
Комплекс EF-G · GTP (EF-2 · GTP) может связываться как с функционирующей (транслирующей), так и с вакантной рибосомой, и даже с изолированной 50S субъединицей. Место связывания EF-G на 50S субъединице находится у основания L7/L12-стержня (см. рис. 88); в 70S рибосоме он оказывается у границы раздела между рибосомными субчастицами, в районе тРНК-связывающих участков. Связыванию EF-G · GTP с рибосомой препятствует аминоацил-тРНК в А-участке рибосомы, а также присутствие другого белкового фактора — EF-T_u (см. В.1.2).

Во всех случаях связывание комплекса EF-G · GTP (или EF-2 · GTP)

рибосомой или ее субчастицей приводит к расщеплению (гидролизу) ГТФ. Считается, что рибосома наводит ГТФазную активность на EF-G, т.е. что ГТФазный центр находится на EF-G, но без рибосомы почему-то не активен (см. В.1.3). Если рибосома вакантна или вместо рибосомы используется ее большая субчастица, то имеет место просто гидролиз ГТФ, не сопряженный с какими-либо событиями элонгации.

EF-G-катализируемый гидролиз ГТФ на рибосоме приводит к тому, что EF-G теперь оказывается в комплексе с ГДФ. Но ГДФ не эффективен в придании белку EF-G сродства к рибосоме, и поэтому комплекс EF-G · GDP освобождается из рибосомы и затем диссоциирует.

Таким образом, полная последовательность реакций с участием EF-G выглядит следующим образом:



Если в реакциях участвует вакантная рибосома или ее изолированная 50S субчастица, то весь процесс представляет собой не более чем гидролиз ГТФ, согласно суммарному уравнению:



Другими словами, в этом случае EF-G в комбинации с рибосомой выступает только как ГТФаза. Однако, если в те же реакции вовлечена претранслокационная рибосома, то в дополнение к гидролизу ГТФ результатом участия EF-G будет также и транслокация.

Возникает вопрос, с какой из перечисленных последовательных реакций при участии EF-G непосредственно сопряжена транслокация? Долгое время казалось естественным, что транслокация — энергопотребляющий процесс и что она непосредственно сопряжена с гидролизом ГТФ на рибосоме. Оба эти предположения оказались неверными. Рассмотрение ошибочности первого предположения о необходимости энергии для осуществления транслокации будет дано ниже. Что касается предположения о сопряжении транслокации с гидролизом ГТФ, то оно было опровергнуто прямыми экспериментами, где вместо ГТФ был использован его нерасщепляемый аналог. Оказалось, что в том случае, когда претранслокационные рибосомы взаимодействовали с EF-G и GMPPCP или GMPPNP, имела место быстрая транслокация, как и в случае EF-G и ГТФ. Отсюда следовал вывод, что для промотирования (катализа) транслокации достаточно присоединения EF-G · GTP к рибосоме. Здесь имеются две возможности: либо само присоединение (сродство) белка к рибосоме производит некое воздействие, сдвигающее молекулы тРНК в рибосоме, либо в претранслокационной рибосоме с присоединенным EF-G

барьер для спонтанных транслокационных перемещений оказывается пониженным.

Итак, транслокация катализируется EF-G с ГТФ; катализ транслокации происходит вследствие присоединения EF-G с ГТФ к рибосоме, но не вследствие расщепления ГТФ.

3. РОЛЬ EF-G-ОПОСРЕДОВАННОГО ГИДРОЛИЗА ГТФ

Использование нерасщепляемого аналога ГТФ в EF-G-катализируемой транслокации показало, что в этом случае после транслокации EF-G остается ассоциированным с посттранслокационной рибосомой. Это понятно: разрушения эффектора, наводящего сродство EF-G к рибосоме, здесь нет, и, следовательно, EF-G продолжает сохранять это сродство и удерживаться в комплексе. Однако присутствие EF-G на рибосоме препятствует присутствию EF-T_u и аминоксил-тРНК в А-участке. Поэтому в результате транслокации, произведенной EF-G с нерасщепляемым аналогом ГТФ, хотя пептидил-тРНК приобретает способность реагировать с акцепторным субстратом (компетенцию к пурамицину), а деацилированная тРНК освобождается из рибосомы, такая посттранслокационная рибосома не может связать очередную аминоксил-тРНК, а, следовательно, не может продолжить элонгацию. В экспериментальных условиях EF-G с нерасщепляемым аналогом ГТФ может быть отмыт от таких посттранслокационных рибосом, и тогда способность связывать аминоксил-тРНК и продолжать элонгацию приобретает. Значит, в нормальном процессе EF-G должен присоединиться к рибосоме, чтобы вызвать транслокацию, а затем покинуть ее, чтобы разрешить следующий шаг. Роль ГТФ состоит в том, что он как эффектор обеспечивает присоединение EF-G к рибосоме; роль гидролиза ГТФ состоит в том, что эффектор разрушается, приводя к требуемому освобождению EF-G из рибосомы.

В этом плане интересно действие антибиотика фусидовой кислоты (рис. 109), специфически воздействующего на EF-G. EF-G с фусидовой кислотой может нормально взаимодействовать с ГТФ и далее с рибосомой; в рибосоме происходит транслокация; далее происходит расщепление ГТФ до ГДФ и ортофосфата; однако фусидовая кислота повышает сродство EF-G к рибосоме, так что после распада ГТФ EF-G · GDP не освобождается. Соответственно, хотя транслокация произошла, очередная аминоксил-тРНК не может связаться с А-участком рибосомы, и элонгация останавливается.

4. ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ СОБЫТИЙ В EF-G-КАТАЛИЗИРУЕМОЙ ТРАНСЛОКАЦИИ. ИНГИБИТОРЫ

Схема последовательности событий при транслокации, промотируемой EF-G, дана на рис. 110.

Первое событие — взаимодействие претранслокационной рибосо-

мы с EF-G · GTP. Это событие ингибируется тиострептоном — специфическим антибиотиком, связывающимся с 50S субчастицей рибосомы в районе основания L7/L12-стержня, т. е. приблизительно в том же районе, где показано связывание EF-G (см. рис. 88). Белок L11 и его участок 23S РНК оказались непосредственно ответственными за связывание тиострептона. Интересно, что тиострептонустойчивые мутанты или штаммы лишены белка L11 как компонента 50S субчастицы рибосомы. Похоже, что молекула связанного тиострептона блокирует место взаимодействия EF-G с рибосомой.

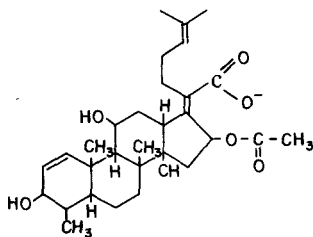


Рис. 109. Фусидовая кислота — ингибитор, воздействующий на EF-G

До сих пор ни при каких условиях не удалось экспериментально наблюдать стабильного комплекса претранслокационной рибосомы с EF-G · GTP или EF-G · GMPPCP. По-видимому, такой комплекс нестабилен и короткоживущ. Взаимодействие претранслокационной рибосомы с EF-G · GTP или EF-G · GMPPCP дает в результате немедленную быструю транслокацию. Это второе событие в рассматриваемой схеме (рис. 110). Транслокацию можно ингибировать либо понижением температуры, либо повышением концентрации Mg^{2+} ; например, при 4°C или в 30 мМ Mg^{2+} при физиологической температуре (30–37°C) транслокация оказывается практически блокированной. Однако и в этих условиях стабильного комплекса претранслокационной рибосомы с EF-G · GTP или EF-G · GMPPCP не наблюдается, т. е. взаимодействие, видимо, быстро обратимо. Имеются также специфические агенты, например антибиотик виомицин, которые ингибируют рассматриваемое событие, т. е. собственно транслокацию.

Третье событие в рассматриваемой схеме — гидролиз ГТФ и освобождение ортофосфата. Посттранслокационная рибосома довольно прочно удерживает EF-G, пока не произойдет гидролиз ГТФ. Естественно, что при замене ГТФ на его нерасщепляемый аналог (например, GMPPCP) это событие не произойдет, и посттранслокационная рибосома останется в комплексе с EF-G · GMPPCP.

Если произошел гидролиз ГТФ, то в комплексе с посттранслокационной рибосомой окажется теперь EF-G · GDP. Такой комплекс весьма нестабилен и диссоциирует, т. е. EF-G и ГДФ освобождаются из рибосомы. Это четвертое событие на схеме. Фусидовая кислота, упоминавшаяся выше, специфически ингибирует как раз эту стадию, фиксируя комплекс и не давая EF-G · GDP освободиться из рибосомы.

В целом, последовательность событий, описываемая схемой (рис. 110), оказывается поразительно **аналогичной** последовательности событий в EF-Tu-промотируемом связывании аминоксил-тРНК (см. рис. 100): сначала нестабильное обратимое взаимодействие, следующая за ним быстрая (катализируемая) стадия основного события, затем гидролиз ГТФ и, наконец, освобождение белкового фактора с

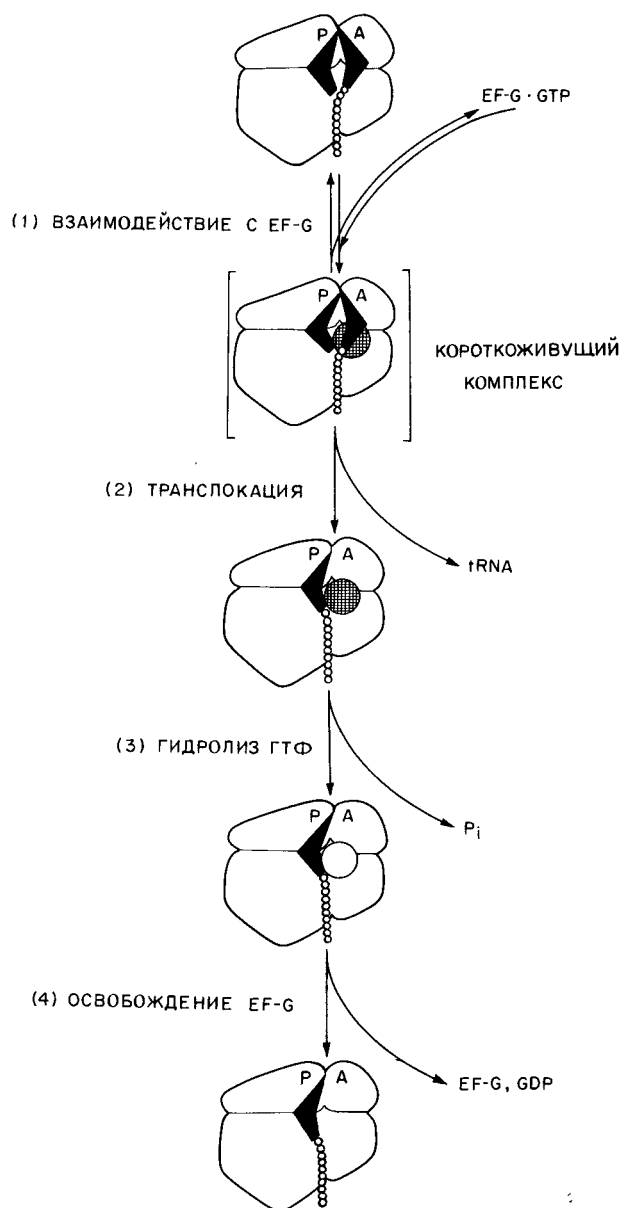


Рис. 110. Схема последовательности событий в процессе транслокации

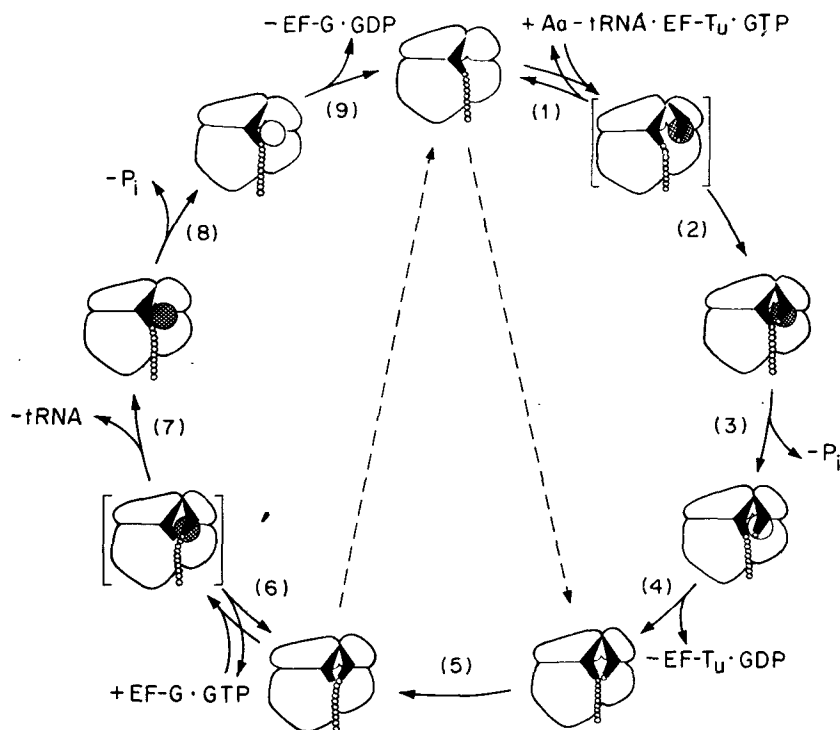


Рис. 111. Схема полной последовательности событий в фактор-катализируемом элонгационном цикле:
пунктиром даны бесфакторные шунты: неэнзиматическое связывание аминоксил-тРНК и неэнзиматическая транслокация

ГДФ. Такая симметрия элонгационного цикла видна на рис. 111, где оба фактор-катализируемых процесса даны в виде отдельных последовательных событий.

5. «НЕЭНЗИМАТИЧЕСКАЯ» (БЕСФАКТОРНАЯ) ТРАНСЛОКАЦИЯ

Было установлено, что при определенных условиях в бесклеточных системах транслокация может происходить также и в отсутствие факторов элонгации и ГТФ. Эта «неэнзиматическая» транслокация идет гораздо медленнее, чем EF-G · GTP-катализируемая, но, тем не менее, дает в результате нормальное посттранслокационное состояние рибосомы, которое способно продолжать элонгацию. Следовательно, процесс транслокации является термодинамически спонтанным. Транслокационный механизм оказывается принципиально присущ самой рибосоме, а не привносится фактором элонгации.

Опять-таки здесь ситуация оказывается полностью симметричной таковой в случае связывания аминоксил-тРНК: в обоих случаях

процесс может идти медленно в бесфакторном режиме, оба процесса идут спонтанно («с горы») и их механизм обеспечивается рибосомой; таким образом, факторы элонгации лишь катализируют термодинамически разрешенные и механистически обеспеченные процессы.

Бесфакторное (неэнзиматическое) связывание аминоксил-тРНК, катализируемая рибосомой транспептидация и бесфакторная (неэнзиматическая) транслокация создают *бесфакторный элонгационный цикл*. Он показан пунктирными шунтирующими стрелками на рис. 111. Повторение циклов дает в результате медленную бесфакторную элонгацию. В бесклеточных системах была проведена бесфакторная трансляция полиуридиловой кислоты и ряда синтетических гетерополинуклеотидов и показано полное соответствие полипептидного продукта матричному полинуклеотиду, согласно генетическому коду.

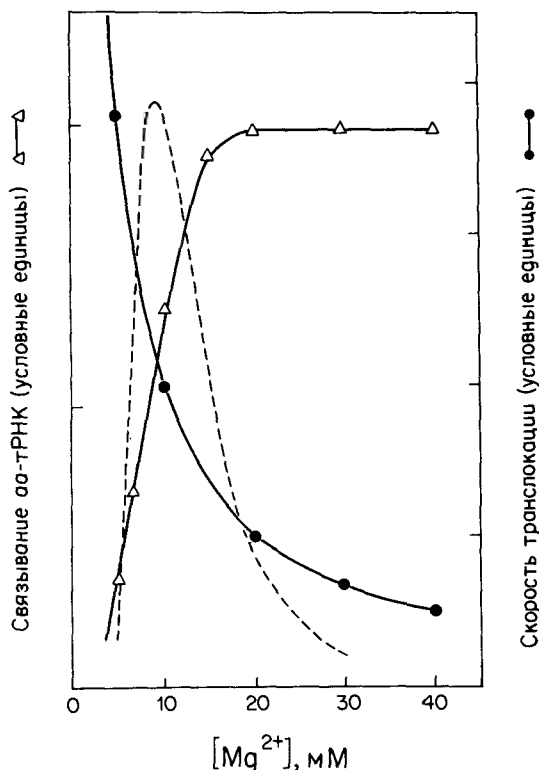
В то время как повышение концентрации Mg^{2+} стимулирует связывание аминоксил-тРНК, понижение Mg^{2+} стимулирует транслокацию (рис. 112). При концентрациях Mg^{2+} около 3 мМ скорость транслокации может приближаться к таковой в присутствии EF-G с ГТФ (зато связывание аминоксил-тРНК практически не идет). При концентрации Mg^{2+} около 30 мМ скорость транслокации близка к нулю (связывание аминоксил-тРНК идет хорошо). Попеременно меняя концентрацию Mg^{2+} в бесклеточной системе, можно было бы в известной мере имитировать действие факторов элонгации и тем самым значительно ускорить бесфакторный элонгационный цикл. Не исключено, что этот подход в будущем найдет свое применение.

Сравнивая медленную бесфакторную транслокацию с быстрой EF-G · GTP-катализируемой транслокацией, важно отметить, что фактор, по-видимому, не снижает заметным образом тепловую энергию активации процесса; это наводит на мысль, что здесь катализ имеет преимущественно энтропийную природу. Ингибиторный анализ также показывает, что фактор не создает нового реакционного пути, идущего через промежуточные стадии в обход высокого активационного барьера, как это делает обычный «энтальпийный катализатор»: самые различные специфические ингибиторы транслокации (виомицин, спектиномицин, эритромицин, неомицин, канамицин, гентамицин, гигромицин В) действуют как на энзиматический, так и неэнзиматический процесс, указывая на существование **одинакового транслокационного механизма**, с одними и теми же мишенями в обоих случаях. Следовательно, фактор элонгации катализирует процесс, скорее всего, путем создания лучших пространственных условий в рибосоме для **того же самого**, присущего рибосоме как таковой, транслокационного пути. Одним из способов сделать это могла бы быть простая фиксация одного из термически флуктуирующих подсостояний рибосомы, которое было бы благоприятно для транслокации. Такой фиксирующий или ориентирующий эффект присоединения EF-G как крупного дополнительного лиганда рибосомы кажется вероятным.

Таким образом, возможность бесфакторной (неэнзиматической) транслокации отражает, по-видимому, существование присущего рибосоме транслокационного механизма и энергетическую обеспечен-

Рис. 112. Зависимость бесфакторного (неэнзиматического) связывания аминоксил-тРНК с рибосомой и бесфакторной (неэнзиматической) транслокации от концентрации Mg^{2+} (по Н. В. Белицкой и др. Докл. АН СССР, 1975, т. 224, с. 1205–1208):

чем ниже концентрация Mg^{2+} , тем хуже связывание аминоксил-тРНК, но тем скорее транслокация, пунктирная линия — зависимость скорости бесфакторной трансляции от концентрации Mg^{2+}



ность процесса без привлечения ГТФ, а ее свойства в сравнении с таковыми факторзависимой (энзиматической) транслокации свидетельствуют о преимущественно энтропийном вкладе EF-G как катализатора.

6. ПЕРЕДВИЖЕНИЕ МАТРИЦЫ ПРИ ТРАНСЛОКАЦИИ

Уже отмечалось, что транслокация сопровождается перемещением матричного полинуклеотида на один кодон. В процессе этого сдвига и после него связь между антикодоном пептидил-тРНК и кодоном матрицы сохраняется; кодон-антикодоновый комплекс движется, по-видимому, как целое из А-участка в Р-участок рибосомы.

Естественно поставить вопрос, что служит ведущим актом — перемещение матрицы или перемещение пептидил-тРНК? Ряд фактов указывает на то, что ведущим является транслокационное перемещение тРНК, которая своим антикодоном тянет за собой кодон матрицы. В качестве одной из ярких демонстраций независимости транслокации от матричного полинуклеотида можно рассматривать открытие рибосомного синтеза полипептида из аминоксил-тРНК в отсутствие матричного полинуклеотида; в этом случае было показано существование нормального элонгационного цикла с $EF-G \cdot GTP$ -катализируемой транслокацией. Наиболее прямым указанием на ведущую роль

тРНК и ведомую роль мРНК в процессе транслокации был опыт Д. Л. Риддла и Дж. Карбона (1973), в котором мутантная тРНК, имевшая в качестве антикодона нуклеотидный квадруплет вместо триплета, супрессировала мутацию со сдвигом рамки (+1), т. е. передвигала мРНК в рибосоме, соответственно, на четыре (а не на три) нуклеотидных остатка.

Таким образом, главное событие транслокации это, по-видимому, перемещение пептидил-тРНК из А-участка в Р-участок рибосомы. Антикодон тянет за собой связанный с ним кодон матрицы, приводя к соответствующему перемещению матрицы относительно рибосомы на один триплет (в норме). В результате в А-участке устанавливается следующий (по направлению к 3'-концу) нуклеотидный триплет матрицы, а предыдущий (примыкающий с 5'-конца) триплет вместе с антикодоном деацилированной тРНК оказывается выведенным из Р-участка.

7. ЭНЕРГЕТИКА ТРАНСЛОКАЦИИ

Вопрос об энергетике транслокации долгое время был сильно запутан ввиду ряда исторических причин и из-за традиционности мышления биохимиков. Дело в том, что участие ГТФ в процессе транслокации стало известно раньше всех прочих фактов, касающихся этой стадии элонгационного цикла. Рассмотрение транслокации как процесса **механического перемещения** крупных молекулярных масс и факт сопряженного расщепления ГТФ на ГДФ и ортофосфат наводили на мысль об аналогии с мышечным сокращением, происходящим за счет энергии гидролиза АТФ до АДФ и ортофосфата. Это создало мощный психологический стимул для выдумывания особых энергетических проблем в процессе транслокации, которые должны бы были решаться за счет энергии расщепления ГТФ. Практически все предложенные с тех пор модели транслокации предполагают, что энергия **именно** EF-G-опосредованного гидролиза ГТФ так или иначе используется для механической работы по активному перемещению или хотя бы активному выталкиванию рибосомных лигандов (тРНК) из их связывающих участков, а фактору EF-G и/или белку L7/L12 часто приписывают функцию сократительных белков. Согласно одним моделям, энергия ГТФ через EF-G прилагается к пептидил-тРНК, занимающей А-участок, так что развиваемое усилие сдвигает ее вместе со своим кодоном по направлению к Р-участку, вытесняя деацилированную тРНК из Р-участка. В других моделях энергия ГТФ реализуется фактором EF-G первично для удаления (выталкивания) деацилированной тРНК из Р-участка, и тогда пептидил-тРНК спонтанно переходит из А-участка в вакантный Р-участок, к которому она имеет большое сродство, увлекая с собой свой кодон матричного полинуклеотида.

Однако распад ГТФ, как уже указывалось, происходит **после** транслокации, т. е. никакого сопряжения реакции гидролиза ГТФ непосредственно с транслокацией нет. Кроме того, было показано, что в реакции гидролиза идет прямой перенос фосфатного остатка

ют ГТФ на воду, без образования какого бы то ни было промежуточного фосфорилированного соединения, могущего обеспечить сопряжение. Следовательно, остается предполагать другой механизм: транслокация сопряжена с адсорбцией EF-G на рибосому, в то время как гидролиз ГТФ требуется для десорбции EF-G. Если бы действительно надо было совершать работу для перевода рибосомы из претранслокационного состояния в посттранслокационное, то можно было бы считать, что работа совершается за счет энергии образования комплекса $GTP \cdot EF-G \cdot$ рибосома, которая затем компенсируется энергией гидролиза ГТФ. Таким образом, этот механизм все равно обеспечивал бы работу в конечном счете энергией гидролиза ГТФ, но не путем ее прямого сопряжения, а путем «дачи взаймы» с последующим возвратом.

На самом деле, как было показано, транслокация может идти спонтанно, без EF-G и ГТФ (неэнзиматическая транслокация). Это значит, что процесс термодинамически разрешен (процесс «с горы») или, другими словами, термодинамический потенциал (свободная энергия) претранслокационного состояния рибосомы выше, чем посттранслокационного состояния. Естественно, в такой ситуации затрата энергии для совершения работы (поднятия потенциала) не требуется. Таким образом, какой бы то ни было термодинамический вклад EF-G с ГТФ в процесс транслокации надо исключить.

Тем не менее, в EF-G-катализируемой транслокации EF-G с ГТФ к рибосоме присоединяются, и затем ГТФ гидролизует, т. е. дополнительная свободная энергия тратится. На что? Очевидно, что любая энергия может затрачиваться либо для совершения полезной работы против термодинамического потенциала (проведение процесса «в гору»), либо на преодоление барьеров в спонтанном («с горы») процессе, без накопления полезной работы. Исключая первую альтернативу, остается признать, что вклад ГТФ является **чисто кинетическим**: сначала взаимодействие ГТФ с EF-G обеспечивает присоединение $EF-G \cdot GTP$ к рибосоме и тем самым уменьшение барьеров в ходе транслокации, а затем гидролиз ГТФ снимает барьер, создаваемый самим EF-G для следующей стадии элонгационного цикла. Следовательно, энергия ГТФ тратится только на преодоление барьеров и в конечном счете целиком диссипирует в теплоту. Это и есть катализ транслокации. В данном случае особенностью катализа является то, что он энергозависим, как и катализ связывания аминоксил-тРНК с участием EF-Tu.

8. МОЛЕКУЛЯРНЫЙ МЕХАНИЗМ ТРАНСЛОКАЦИИ

Точный молекулярный механизм транслокации не известен. Вместе с тем, имеющиеся знания о структуре тРНК и рибосомы, а также о свойствах претранслокационного и посттранслокационного комплексов дают возможность предполагать вероятную стереохимическую модель взаимодействий между рибосомой, двумя тРНК и мРНК и изменение этих взаимодействий при транслокации. Такая гипотетическая модель излагается ниже.

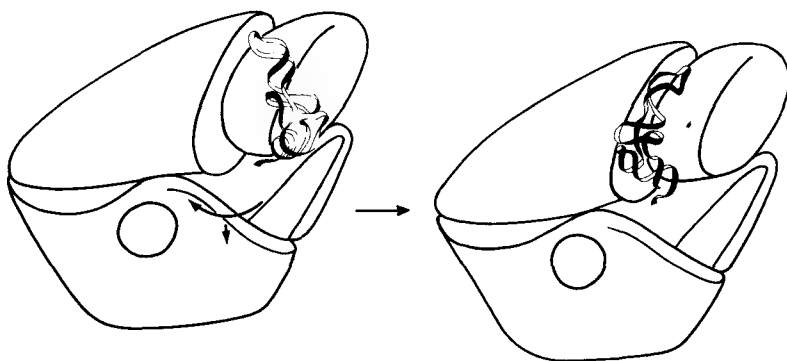


Рис. 113. Схематическое изображение перехода (винтового перемещения) молекулы тРНК из А-участка в Р-участок рибосомы при транслокации. Для простоты изображения в претранслокационном состоянии рибосомы показан лишь один остаток тРНК (остаток пептидил-тРНК)

При рассмотрении стереохимии кодон-антикодонного взаимодействия в гл. В.П.1 указывалось, что антикодоны двух тРНК образуют двуспиральные структуры типа А-формы с двумя смежными кодонами мРНК (см. рис. 94). 3'-Концы двух тРНК также сближены, а углы разведены, так что плоскости двух тРНК находятся под определенным углом друг к другу (см. рис. 93). Эта ситуация сохраняется после транспептидации и, таким образом, **претранслокационная рибосома** содержит комплекс деацилированной тРНК (в Р-участке) и пептидил-тРНК (в А-участке), скрепленный комплементарным гексаплетом мРНК. По-видимому, угол пептидил-тРНК примыкает к головкам 30S и 50S субчастиц рибосомы, а угол деацилированной тРНК находится в районе основания L7/L12-стержня 50S субчастицы (см. рис. 86).

Транслокация мыслится как операция **винтового перемещения** тРНК, включающая поворот относительно оси, проходящей через антикодон и акцепторный конец, по часовой стрелке (если смотреть от антикодона) и трансляцию вдоль той же оси в направлении акцепторного конца. В результате деацилированная тРНК оказывается выведенной из Р-участка и диссоциирует из комплекса со своим кодоном; пептидил-тРНК оказывается в Р-участке, а угол ее тРНК располагается у основания L7/L12-стержня; А-участок теперь вакантен. Это и есть посттранслокационное состояние (рис. 113).

Какая сила заставляет двигаться пептидил-тРНК из А-участка в Р-участок при транслокации? Если путь перемещения комплекса двух тРНК и мРНК задается конструкцией самой рибосомы, то само перемещение может быть результатом теплового движения. Поскольку перемещение сопровождается диссоциацией деацилированной тРНК, результат оказывается энтропийно выгодным. Во всяком случае, в бесфакторной (неэнзиматической) транслокации нет, по-видимому, другого источника движения, кроме теплового движения. Вероятно, что точно так же тепловое движение индуцирует перемещение в

процессе EF-G · GTP-катализируемой транслокации, но посадка EF-G с ГТФ на рибосому создает какую-то структурную обстановку, при которой стерические и энергетические барьеры на пути перехода оказываются сниженными (в том числе, под влиянием EF-G может снижаться сродство пептидил-тРНК к А-участку). Стержень L7/L12 рибосомы, по-видимому, каким-то образом участвует в механизме катализа транслокации (в создании благоприятной структурной обстановки) под влиянием фактора EF-G с ГТФ.

9. ПОДВЕДЕНИЕ ИТОГОВ: ОБЩИЙ МАТЕРИАЛЬНЫЙ И ЭНЕРГЕТИЧЕСКИЙ БАЛАНС ЭЛОНГАЦИОННОГО ЦИКЛА

Итак, следующие друг за другом стадии кодоннаправляемого связывания аминоацил-тРНК с элонгирующей рибосомой, транспептидации и транслокации создают цикл, в результате которого а) детерминируется положение одного аминокислотного остатка в полипептидной цепи, подлежащей синтезу; б) образуется одна пептидная связь; в) деацилируется одна молекула аминоацил-тРНК; г) гидролизуются две молекулы ГТФ до ГДФ и ортофосфата и д) оказывается продвинутым относительно рибосомы (прочитанным) один нуклеотидный триплет матричного полинуклеотида. Повторение таких циклов и создает процесс элонгации; количество циклов на всю элонгацию определяется количеством кодирующих триплетов матрицы (за вычетом иницирующего кодона).

В чисто материальном выражении на один цикл потреблены **из раствора** одна молекула аминоацил-тРНК и две молекулы ГТФ (плюс две молекулы воды). Отданы **в раствор** одна молекула деацилированной тРНК, две молекулы ГДФ и две молекулы ортофосфорной кислоты (см. рис. 80). Одновременно **в рибосоме** произошло удлинение пептида.

Отсюда следует также и энергетический баланс цикла. Энергетические потребности цикла представляются весьма скромными: это детерминация положения аминокислотного остатка в полипептидной цепи, $\Delta G^{\circ} \leq +10$ кДж/моль (2,5 ккал/моль) и образование пептидной связи, $\Delta G^{\circ} \approx +2$ кДж/моль (+0,5 ккал/моль). Ясно, что эти энергетические потребности **всего** цикла с избытком покрываются той свободной энергией, которая освобождается при деацилировании аминоацил-тРНК, $\Delta G^{\circ} \approx -30$ кДж/моль (-7 ккал/моль). Тем не менее, сопряженно с циклом происходит гидролиз двух молекул ГТФ (см. рис. 80), дающий освобождение еще дополнительного большого количества свободной энергии, $\Delta G^{\circ} \approx -60$ кДж/моль (-15 ккал/моль). Таким образом, элонгация выглядит процессом расточительным, мало экономичным, с низким коэффициентом полезного действия. Преобладающая часть свободной энергии, освобождаемой в ходе цикла, диссипирует в теплоту.

В то же время, при исключении ГТФ даже из одной стадии цикла (либо из стадии связывания аминоацил-тРНК, либо из стадии транслокации) процесс резко замедляется, а кроме того, становится

мало устойчив к неблагоприятным условиям, ядам и другим помехам. Следовательно, большой избыток свободной энергии необходим системе, чтобы обеспечить высокие скорости и высокую устойчивость элонгации. Очевидно, экономичность не является главным преимуществом, обеспечивающим жизнеспособность системы в живой природе.

Рекомендуемая литература

- Итоги науки и техники. Сер. биол. химия. — М.: ВИНТИ, 1983. Т. 18. С. 135—193.
- Гаврилова Л. П., Спирин А. С. Изучение механизма транслокации в рибосомах. II. Активация спонтанной («неэнзиматической») транслокации в рибосомах *Escherichia coli* параклормеркурибензоатом. — Молекул. биол., 1972. Т. 6. С. 311—319.
- Овчинников Ю. А., Алахов Ю. Б., Бундулис Ю. П. и др. Первичная структура фактора элонгации G из *Escherichia coli*. IX. Исследование структуры пептидов бромцианового расщепления G-фактора, выделенных на тиол-активированной сефарозе, и продуктов расщепления G-фактора по связям Asp-Pro. Полная первичная структура. — Биоорг. химия, 1983. Т. 9. С. 343—357.
- Спирин А. С. О механизме работы рибосомы. Гипотеза смыкания-размыкания субчастиц. — Докл. АН СССР, 1968. Т. 179. С. 1467—1470.
- Тналина Г. Ж., Белицина Н. В., Спирин А. С. Безматричный синтез полипептидов из аминоксил-тРНК на рибосомах *Escherichia coli*. — Докл. АН СССР, 1982. Т. 266, С. 741—745.
- Четверин А. Б., Спирин А. С. Биоэнергетика и синтез белка. — Усп. биол. химии, 1983. Т. 24. С. 3—39.
- The Mechanism of Protein Synthesis.* — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1969, v. 34, p. 167—177; 197—207; 331—356; 377—431; 437—468.
- Chambliss G. et al., eds. *Ribosomes: Structure, Function, and Genetics.* Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 377—411; 555—581.
- Cohn W. E., ed. *Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology.* N. Y.: Acad. Press, 1978, v. 21, p. 39—62.
- Nomura M., Tissières A., Lengyel P., eds. *Ribosomes.* N. Y.: Cold Spring Harbor Laboratory, 1974, p. 871—884.
- Weissbach H., Pestka S., eds. *Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis.* — N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 375—411.
- Belitsina N. V., Spirin A. S. Ribosomal translocation assayed by the matrix-bound poly(uridylic acid) column technique. Effects of different magnesium concentrations. — Eur. J. Biochem., 1979, v. 94, p. 315—320.
- Belitsina N. V., Glukhova M. A., Spirin A. S. Translocation in ribosomes by attachment-detachment of elongation factor G without GTP cleavage: Evidence from a column-bound ribosome system. — FEBS Lett., 1975, v. 54, p. 35—38.
- Bodley J. W., Zieve F. J., Lin L. Studies on translocation: IV. The hydrolysis of a single round of GTP in the presence of fusidic acid. — J. Biol. Chem., 1970, v. 245, p. 5662—5667.
- Gupta S. L., Waterson J., Sopor M. L. et al. Movement of the ribosome along the messenger ribonucleic acid during protein synthesis. — Biochemistry, 1971, v. 10, p. 4410—4421.
- Haenni A.-L., Lucas-Lenard J. Stepwise synthesis of a tripeptide. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1968, v. 61, p. 1363—1369.
- Inoue-Yokosawa N., Ishikawa C., Kaziro Y. The role of guanosine triphosphate in translocation reaction catalyzed by elongation factor G. — J. Biol. Chem., 1974, v. 249, p. 4321—4323.
- Kaziro Y. The role of guanosine 5'-triphosphate in polypeptide chain elongation. — Biochim. Biophys. Acta, 1978, v. 505, p. 95—127.
- Leder P. The elongation reactions in protein synthesis. — Adv. Protein Chem., 1973, v. 27, p. 213—242.
- Matzke A. J. M., Barta A., Kuechler E. Mechanism of translocation: Relative arrangement of tRNA and mRNA on the ribosome. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1980, v. 77, p. 5110—5114.
- Nishizuka Y., Lipmann F. The interrelationship between GTPase and amino acid polymerization. — Arch. Biochem. Biophys., 1966, v. 116, p. 344—351.

Pestka S. Studies on the formation of transfer ribonucleic acid-ribosome complex. VI. Oligopeptide synthesis and translocation on ribosomes in the presence and absence of soluble transfer factors. — *J. Biol. Chem.*, 1969, v. 244, p. 1533–1539.

Riddle D. L., Carbon J. Frameshift suppression: a nucleotide addition in the anticodon of a glycine transfer RNA. — *Nature New Biol.*, 1973, v. 242, p. 230–234.

Thach S. S., Thach R. E. Translocation of messenger RNA and «accommodation» of fMet-tRNA. — *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.*, 1971, v. 68, p. 1791–1795.

Глава V

ЭЛОНГАЦИЯ: РЕГУЛЯЦИЯ

1. НЕРАВНОМЕРНОСТЬ ЭЛОНГАЦИИ

Из скорости считывания мРНК рибосомами (см. А.IV.4) следует, что продолжительность каждого элонгационного цикла, включая связывание аминоксил-тРНК, транспептидацию и транслокацию, составляет около 0,06–0,1 с (при 37°C). Однако эта частота около 10–15 циклов в секунду может считаться лишь средним значением для всей элонгации. Имеются данные, что скорость элонгации может меняться во время трансляции цепи мРНК.

Прежде всего, было отмечено, что во время синтеза глобиновых цепей в ретикулоцитах кролика распределение образующихся пептидов по размеру не является непрерывным, а скорее обнаруживает дискретные классы, указывая на возможность каких-то перерывов или остановок в процессе трансляции (элонгации). Аналогичные результаты были получены при синтезе белка оболочки бактериофага MS2 в клетках *E. coli*, инфицированных фагом MS2. Такая прерывистая или неравномерная трансляция наблюдалась также в интактных клетках и бесклеточных системах для некоторых других белков, например для фиброина шелка, вителлогенина и сывороточного альбумина, белков вируса табачной мозаики, белков вируса энцефаломиокардита, бактериальных колицинов и т. д. Все эти наблюдения привели к заключению, что во время элонгации рибосомы двигаются вдоль цепи мРНК с неравномерной скоростью; иногда, на некоторых специфичных участках мРНК, они могут замедлять свое движение или на время останавливаться. Иными словами, во время элонгации, по крайней мере в некоторых случаях, могут случаться более или менее длительные паузы.

Для объяснения этой трансляционной неравномерности (пауз) можно предложить три механизма, не обязательно исключаящие друг друга.

1. Первое объяснения состоит в том, что рибосома может задерживаться на кодонах, соответствующих минорным (присутствующим в малых количествах) изоакцепторным тРНК (или, что менее вероятно, тРНК, обладающим низкой эффективностью узнавания кодонов и связывания с рибосомой). Анализы использования различных кодонов в мРНК показывают, что мРНК, кодирующие главные (в количественном отношении) клеточные белки, избирательно используют те

синонимные кодоны, которые соответствуют изоакцепторным тРНК, присутствующим в клетке в относительно больших количествах. Синонимные кодоны, соответствующие минорным тРНК, используются редко (если вообще используются) в этих мРНК (например, в случае *E. coli*, аргининовые кодоны CGA и CGG, а также AGA и AGG; изолейциновый кодон AUA; лейциновый кодон CUA; сериновые кодоны UCA и UCG; пролиновый кодон CCC; глициновые кодоны GGA и GGG). Возможно, что, когда транслирующая рибосома сталкивается с таким редко используемым кодоном в мРНК, ей необходимо какое-то время для ожидания прихода минорной тРНК из окружающей среды. Иными словами, низкие концентрации некоторых тРНК могут быть фактором, регулирующим скорость, приводя к трансляционным паузам на соответствующих кодонах.

Кодоны, соответствующие минорным тРНК, можно назвать *модулирующими* кодонами, так как предполагается, что они могут модулировать скорость трансляции. Встречаясь в разных количествах в различных мРНК, они могут определять разную степень экспрессии мРНК: чем больше модулирующих кодонов содержится в мРНК, тем менее эта мРНК будет экспрессироваться, по сравнению с другими мРНК. В то же время, клетка может избирательно менять степень экспрессии (транслируемости) слабо экспрессируемой мРНК путем *адаптации* концентраций изоакцепторных тРНК к набору кодонов в данной мРНК. Например, известно, что во время интенсивного синтеза фиброина в шелкоотделительных железах внутриклеточный запас изоакцепторных тРНК претерпевает сильные изменения, в результате которых обеспечивается снабжение именно теми тРНК, которые необходимы для трансляции мРНК фиброина; в частности, определенные глициновая, аланиновая и сериновая изоакцепторные тРНК становятся преобладающими в соответствии с преобладанием соответствующих глициновых, аланиновых и сериновых кодонов в мРНК фиброина.

2. Скорость продвижения рибосомы по цепи мРНК может быть не одинаковой из-за различной стабильности вторичной и третичной структур различных участков мРНК. В частности, для того чтобы иметь стабильный двухтяжевый участок мРНК в расплетенном и доступном для трансляции виде, рибосоме необходимо большее время «ожидания», чем при трансляции других, менее структурированных, участков мРНК. В таких случаях будет возникать неравномерность элонгации, и места трансляционных пауз будут соответствовать прохождению рибосом через участки, содержащие относительно стабильные двойные спирали или иные структуры в цепи мРНК. Эта гипотеза согласуется с предсказаниями вторичных структур мРНК, кодирующих некоторые неравномерно синтезируемые белки.

В связи с рассматриваемой гипотезой особый интерес представляет наблюдение, сделанное недавно Ю. В. Свиткиным и В. И. Аголом (1983). Они показали, что во время трансляции РНК вируса энцефаломиокардита в определенном участке этой РНК существует трансляционный барьер, вызывающий значительную задержку во времени экспрессии последующей кодирующей последовательности. Примеча-

тельно, что этот барьер преодолевается добавлением фактора элонгации 2 (EF-2) в количествах, превышающих каталитические количества EF-2, необходимые для максимальных скоростей элонгации на других участках РНК. Следовательно, эукариотический EF-2 обладает какими-то регуляторными функциями в элонгации, в дополнение к его функции катализа транслкации. Возможно, эта функция имеет отношение к РНК-связывающей способности EF-2 (отсутствующей у его прокариотического аналога EF-G); например, можно предположить, что РНК-связывающая способность EF-2 служит для разворачивания или дестабилизации структурных барьеров в мРНК, таких как стабильные двухтяжевые спирали или особые третичные взаимодействия.

3. Возможно существование каких-то регуляторных белков или малых рибонуклеопротеидов, которые взаимодействуют с транслирующей рибосомой и избирательно останавливают или затрудняют элонгацию в определенных местах. Известен пример таких специфичных репрессоров элонгации в эукариотах: это рибонуклеопротеидная частица, содержащая 7S РНК; частица узнает особую N-концевую гидрофобную последовательность образующегося полипептида на транслирующей рибосоме, присоединяется к рибосомам и останавливает элонгацию до тех пор, пока рибосома не вступит во взаимодействие с мембраной эндоплазматического ретикулума (см. В. IX.2). Не исключено, что подобные механизмы используются для регуляции скорости элонгации на других стадиях синтеза белка, например, на определенных стадиях сворачивания белка или сборки белка на транслирующей рибосоме.

2. ИЗБИРАТЕЛЬНАЯ РЕГУЛЯЦИЯ СКОРОСТИ ЭЛОНГАЦИИ НА РАЗЛИЧНЫХ мРНК

Во время развития клеток и организмов, а также в ответ на обработку гормонами или под действием факторов окружающей среды, возможны, по-видимому, дифференциальные изменения в скоростях элонгации на различных мРНК. Одним из примеров является различная скорость элонгации на двух популяциях мРНК после теплового шока в клетках *Drosophila*: элонгация на основных дошоковых мРНК сильно замедляется, и в то же время оказывается быстрой на мРНК, синтезированных в результате теплового шока.

Другой пример регулируемых дифференциальных изменений в скорости элонгации был дан Дж. Иланом и сотр.: эстроген, введенный цыплятам, ведет к индуцированию синтеза вителлогенина в печени с начальной скоростью элонгации, равной примерно 9 остаткам в секунду; в то же время скорость элонгации суммарных белков печени снижается с 7 до 4,5 остатков в секунду; через 2 дня после инъекции и в последующее время скорость элонгации всех белков печени составляет от 2 до 3 остатков в секунду.

Механизмы избирательной регуляции скорости элонгации на различных эукариотических мРНК не известны. Во всяком случае, не исключено, что здесь могут действовать некоторые из тех механизмов,

которые были описаны в предыдущем разделе. В частности, возможные изменения в популяции изоакцепторных тРНК, а также изменения в концентрациях факторов элонгации и аминоацил-тРНК-синтаз могут влиять на избирательную регуляцию элонгации. Разумеется, нельзя исключать и прямого участия гипотетических репрессоров элонгации, например белков, способных связываться с определенными кодирующими участками мРНК.

3. ТОТАЛЬНАЯ РЕГУЛЯЦИЯ СКОРОСТИ ЭЛОНГАЦИИ

Замедление элонгации при вирусных инфекциях

Вирусная инфекция эукариотической клетки часто приводит к снижению скорости элонгации всех полипептидов, синтезируемых хозяйскими рибосомами. Это явление общего замедления элонгации особенно характерно для пикорнавирусных инфекций; его наблюдали в клетках HeLa, инфицированных полиовирусом, в мышинных клетках асцитного рака Эрлиха, зараженных менговирусом, в L-клетках, инфицированных вирусом энцефаломиокардита. Считается, что пикорнавирусная инфекция ведет к снижению эффективности рибосом в элонгации. Имеются данные о том, что снижение элонгационной активности вызывается какими-то изменениями в рН 5 фракции, которая содержит аминоацил-тРНК-синтазы, тРНК и факторы элонгации.

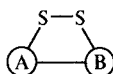
Об ингибировании элонгации сообщалось также в случае клеток, инфицированных вирусом осповакцины, и этот эффект оказалось возможным воспроизвести в бесклеточных системах *in vitro* добавлением вирусного нуклеопротеида. Это наводит на мысль о прямом действии вирусного компонента на какое-то звено элонгационного цикла.

Блокирование элонгации токсинами бактериального и растительного происхождения

Имеется целый ряд белковых токсинов бактериального и растительного происхождения, которые являются мощными ингибиторами эукариотической (животной) белоксинтезирующей системы. Эти токсины блокируют элонгационную фазу трансляции. Все они обладают каталитическим (энзиматическим) механизмом действия. Мишенью их действия оказалась стадия транслокации элонгационного цикла эукариотической рибосомы. Наиболее изученным примером является дифтерийный токсин.

Дифтерийный токсин. Это белок с молекулярной массой около 60000 дальтон. Он секретируется клетками *Corynebacterium diphtheriae*, содержащими геном лизогенного бактериофага β ; белок есть продукт фагового, а не собственно бактериального, генома. Молекула белка представляет собой одну ковалентно-непрерывную полипептидную цепь, организованную по крайней мере в два, довольно

независимых друг от друга, глобулярных домена (А и В); между доменами имеется скрепляющий их дисульфидный мостик:



С-терминальный домен В, имеющий молекулярную массу около 39000 дальтон, обладает лектиноподобным действием: он способен специфически связываться с поверхностным неидентифицированным рецептором животной клетки. Связывание белка с поверхностью клетки приводит к тому, что он, по непонятному пока механизму, внедряется в цитоплазматическую мембрану, и там происходит протеолитическое расщепление междоменной пептидной связи и одновременное восстановление дисульфидной связи; в результате белок распадается на фрагмент А и фрагмент В. N-терминальный фрагмент А, имеющий молекулярную массу 21150 дальтон, проваливается в цитоплазму. Именно этот фрагмент и является ингибитором белкового синтеза в клетке. Он оказался высокоспецифическим ферментом, осуществляющим АДФ-рибозилирование одного аминокислотного остатка в EF-2. После такого АДФ-рибозилирования нормальные функции EF-2 нарушаются. Ввиду каталитического характера действия фрагмента А достаточно одной молекулы токсина, чтобы модифицировать все молекулы EF-2 и убить клетку.

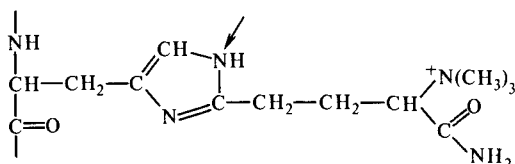
Необходимо отметить, что исходные молекулы дифтерийного токсина не обладают таким ингибиторным действием на белковый синтез; они скорее являются зимогеном, превращаемым в каталитически активный белок (А-фрагмент) лишь после расщепления. С другой стороны, сам фрагмент А не обладает цитотоксическим действием, так как не может проникнуть в интактную клетку.

Субстратом, от которого остаток АДФ-рибозы энзиматически переносится на EF-2, является никотинамидадениндинуклеотид (NAD):



Реакция обратима, и в присутствии избытка никотинамида (в условиях *in vitro*) можно де-АДФ-рибозилировать белок и, таким образом, восстановить интактный EF-2.

Аминокислотный остаток, на который переносится АДФ-рибоза в EF-2, представляет собой уникальное производное гистидина — так называемый дифтамид:



АДФ-рибозильный остаток переносится на азот имидазольного соляца, отмеченный стрелкой.

Несмотря на знание многих деталей процесса превращения дифтерийного токсина в энзиматически активный фрагмент А и энзиматического действия фрагмента А на EF-2, механизм происходящей в результате инактивации белкового синтеза остается загадкой. Дело в том, что АДФ-рибозилирование не приводит, как ожидалось, к инактивации известных парциальных функций фактора. АДФ-рибозилированный EF-2 сохраняет способность взаимодействовать с ГТФ как эффектором, и комплекс ADPR-EF-2 · GTP связывается с рибосомой так же, как и исходный EF-2 · GTP. Связывание происходит по тому же рибосомному участку. Более того, это связывание может давать в результате транслокацию пептидил-тРНК из А-участка в Р-участок и освобождение деацилированной тРНК. ГТФазная активность тоже обнаруживается как результат взаимодействия модифицированного фактора (плюс ГТФ) с рибосомой. Правда, в ряде работ отмечалось, что в случае АДФ-рибозилированного EF-2 ГТФазная активность может быть в той или иной степени снижена и что для промотирования транслокации требуются не каталитические, а стехиометрические количества фактора по отношению к рибосомам. Были высказаны предположения, что ингибирование белкового синтеза в результате АДФ-рибозилирования EF-2 может достигаться либо за счет понижения сродства модифицированного EF-2 к факторсвязывающему участку рибосомы, либо за счет уменьшения скорости его реутилизации (recycling), например, вследствие малой скорости диссоциации комплекса рибосома · ADPR-EF-2 · GDP. Не понятным, однако, остается тот факт, что АДФ-рибозилирование EF-2 приводит к полной остановке белкового синтеза, в то время как парциальные функции EF-2 если и нарушаются, то лишь до некоторой степени.

Имеется, однако, одно свойство EF-2 (не имеющее прямого отношения к промотированию транслокации), которое полностью утрачивается после АДФ-рибозилирования. Это — неспецифическая РНК-связывающая способность, которая свойственна эукариотическим факторам элонгации (так же как и аминоксил-тРНК-синтезам — см. А.III.3), в отличие от их прокариотических аналогов. Благодаря этой способности значительная часть EF-2 (так же как и EF-1) эукариотической клетки оказывается компартментализованной вокруг полирибосом за счет лабильной и обратимой ассоциации с их РНК (возможно, как мРНК, так и рРНК). АДФ-рибозилирование EF-2 приводит к исчезновению неспецифической РНК-связывающей способности фактора и к его полной декомпартментализации из полирибосомных структур. Может быть, что этот эффект, приводящий к резкому уменьшению локальной концентрации фактора вблизи полирибосом, ответствен, по крайней мере частично, за ингибирование белкового синтеза под действием А-фрагмента дифтерийного токсина.

Некоторые другие бактериальные токсины. Экзотоксин А *Pseudomonas aeruginosa* обладает подобным же механизмом действия, что и дифтерийный токсин. Этот белок с молекулярной массой 71500 дальтон тоже взаимодействует с поверхностью эукариотической клетки своим лектиновым доменом, погружается в мембрану, там расщепляется на фрагменты А и В с молекулярными массами 27000

и 45000 дальтон, соответственно, и фрагмент А проникает в цитоплазму. Фрагмент А является ферментом, переносящим АДФ-рибозный остаток от NAD на тот же самый остаток дифтамида EF-2, в результате чего происходит ингибирование белкового синтеза. Однако никакой иммунологической перекрестной реактивности между токсином *Pseudomonas aeruginosa* и дифтерийным токсином не наблюдается. Кроме того, рецепторы этих двух токсинов на клеточной мембране различны.

Токсин *Shigella dysenteriae* также мощный ингибитор белкового синтеза в клетках ряда позвоночных животных. Этот белковый токсин состоит из одной полипептидной А-цепи с молекулярной массой 30500 дальтон и шести (или семи) относительно коротких В-цепей с молекулярной массой около 5000 дальтон каждая (A₁B₆). В-часть белка, по-видимому, ответственна за взаимодействие токсина с рецептором цитоплазматической мембраны животной клетки и погружение токсина в мембрану. Протеолитическое расщепление А-цепи токсина в мембране на два фрагмента — A₁ (M_r = 27500) и A₂ (M_r = 3000) — приводит к проникновению фрагмента A₁ в цитоплазму и ингибированию белкового синтеза. Ингибирование является результатом энзиматического действия фрагмента A₁. (До расщепления энзиматическая активность не проявляется.) Мишенью энзиматического действия в данном случае является 60S субчастица эукариотической 80S рибосомы. Природа ее энзиматической модификации не установлена, но известно, что NAD или другие кофакторы как будто бы не требуются. Рибосомы с модифицированными 60S субчастицами способны осуществлять реакцию транспептидации, т. е. пептидилтрансферазный центр не нарушается. Предполагается, что ингибирование белкового синтеза A₁-фрагментом токсина происходит вследствие какого-то нарушения функций связывания аминоктил-тРНК и/или транслокации; нельзя исключить, что нарушается факторсвязывающий участок на 60S субчастице рибосомы.

Растительные токсины. Среди растительных лектинов, специфически связывающихся с D-галактозными остатками белков (гликопротеидов) клеточной мембраны животных клеток, имеется ряд сильных токсинов, ингибирующих белковый синтез в клетках-мишенях. Сюда относятся рицин из клещевины (*Ricinus communis*), абрин из *Abrus precatorius*, модекцин из *Modecca digitata*, вискумин из омелы белой (*Viscum album*). Эти белки обнаруживают поразительное сходство с бактериальными токсинами, и в частности, с дифтерийным токсином, в отношении их молекулярно-функциональной организации.

Рицин представляет собой двухсубъединичный белок (гликопротеид) с молекулярной массой 62000 дальтон. В-субъединица (31400 дальтон) является собственно лектином и способна специфически связываться с галактозными остатками на внешней стороне мембраны животной клетки. А-субъединица (30000 дальтон) обладает неидентифицированной ферментативной активностью и ответственна за ингибирование белкового синтеза в цитоплазме. Две субъединицы скреплены вместе дисульфидным мостиком. Прикрепление токсина к мембране ведет к его погружению в нее, восстановлению дисуль-

фидной связи и проваливанию освобожденной А-субъединицы в цитоплазму. Для ферментативного действия А-субъединицы не нужно, по-видимому, ни NAD, ни других кофакторов; полагают, что ее действие может быть гидролитическим. Мишенью действия А-субъединицы являются 60S рибосомные субчастицы. Пока не известно, какого рода модификацию претерпевают рибосомные субчастицы; имеются косвенные данные, что именно белковый компонент 60S частиц как-то нарушается под действием энзиматической субъединицы токсина. Может быть, нарушение 60S субчастицы затрагивает ее функцию взаимодействия с факторами элонгации. Во всяком случае, сообщалось, что главным результатом действия токсина является ингибирование EF-2-катализируемой транслкации.

Другие растительные токсины организованы и действуют подобным же образом, хотя химически представляют собой другие белки.

Заслуживает упоминания также так называемый «антивирусный белок лаконоса» («pokeweed antiviral protein», или PAP) из *Phytolacca americana*. Он имеет молекулярную массу 27 000 дальтон и представляет собой аналог А-субъединицы рицина. Соответственно, он не обладает лектиновой активностью и не может взаимодействовать с клеточной мембраной. Поэтому он не действует на интактные клетки, но сильно ингибирует белковый синтез *in vitro* (в эукариотических бесклеточных системах). PAP — фермент, модифицирующий 60S субчастицу рибосом (по-видимому, один из рибосомных белков). Главным результатом является, по-видимому, ингибирование EF-2-катализируемой транслкации, хотя нельзя исключать, что может нарушаться функциональное взаимодействие модифицированной рибосомы с обоими факторами элонгации, как EF-2, так и EF-1.

Искусственные химерные токсины. Таким образом, разнообразные белковые токсины бактериального и растительного происхождения используют один и тот же принцип цитотоксического действия, основанный на двухсубъединичном (или двухдоменном) строении белка: одна субъединица (или фрагмент) взаимодействует с мембраной и ответственна за **трансмембранный транспорт**, а другая **освобождается внутрь клетки** и проявляет так **энзиматическую активность**, приводящую к ингибирующей модификации компонента белоксинтезирующей системы. Можно воспользоваться этим принципом живой природы для того, чтобы доставлять внутрь клетки любой энзиматический белок, искусственно сшив (конъюгировав) его с другим подходящим белком, способным взаимодействовать с мембраной.

Уже первые опыты дали обнадеживающие результаты. Используя простую процедуру дисульфидного обмена, оказалось возможным сшивать энзиматический А-фрагмент дифтерийного токсина или А-субъединицу рицина с нетоксическим растительным лектином (например, с конканавалином А или с лектином *Wistaria floribunda*) и получать цитотоксический эффект; очевидно, лектиновая часть химерного белка была ответственна за доставку ингибиторного компонента в клетку. Однако, как и в случае исходных токсинов, эффект был мало тканеспецифичен. Высокую тканеспецифичность химерного токсина удается получать, сшивая А-фрагмент дифтерийного токсина

или А-субъединицу рицина с тем или иным пептидным гормоном, взаимодействующим со специфическим рецептором мембраны клеток определенного типа (например, с хорионным гонадотропином, или с эпидермальным ростовым фактором, или с инсулином). В этих случаях энзиматический компонент также доставляется внутрь клетки и, ингибируя белковый синтез, убивает ее. Более того, мембрановзаимодействующим компонентом может быть антитело (или его Fab-фрагмент) против какого-либо поверхностного антигена, специфичного для мембраны только данного типа клеток; тогда, сшивая А-фрагмент дифтерийного токсина или А-субъединицу рицина с таким антителом, можно иметь в руках крайне тканеспецифичный химерный токсин, избирательно убивающий лишь эти клетки. Когда мембраносвязывающей половиной химерного токсина является антитело против поверхностного антигена опухолевой клетки, токсин должен высокоизбирательно убивать опухоль, не трогая других клеток.

Регуляция скорости элонгации путем эндогенной модификации факторов элонгации

Исследование белковых токсинов, проявляющих энзиматическую активность, показывает, что они имеют весьма специфические мишени. Наиболее изученный из них — дифтерийный токсин. Мишенью дифтерийного токсина является, как уже известно, уникальный аминокислотный остаток, дифтамид, фактора элонгации 2. Этот остаток в EF-2 удивительно консервативен в эволюции, будучи универсальным среди эукариотических организмов, включая животных, растения и грибы, и встречается даже у археобактерий. В то же время, дифтамид не имеет принципиального значения для функционирования EF-2 в транслокации: были получены жизнеспособные токсинустойчивые мутанты культивируемых животных клеток, которые утратили эту модификацию гистидина в EF-2 без снижения белоксинтезирующей активности. Маловероятно, что дифтамид в EF-2 произошел и сохранился в процессе эволюции в эукариотических организмах лишь для того, чтобы быть мишенью действия токсинов. Скорее можно полагать, что дифтамид служит специальной мишенью для действия некоторых эндогенных (внутриклеточных) регуляторных воздействий на уровне EF-2, а некоторые бактерии лишь используют эту же мишень для интоксикации эукариотических клеток.

Действительно, недавно в нормальных клетках млекопитающих была открыта эндогенная АДФ-рибозилтрансфераза, которая специфически модифицирует дифтамидный остаток в EF-2. Фермент ассоциирован с полирибосомами, т. е. присутствует в том же клеточном компартменте, который содержит факторы элонгации (в случае эукариотической клетки). Функция эндогенного АДФ-рибозилирования EF-2, возможно, состоит в воздействии на активность EF-2, отличную от катализа транслокации. Известно, что АДФ-рибозилирование EF-2 дифтерийным токсином приводит к утрате неспецифической РНК-связывающей способности EF-2 и, следовательно, к

удалению избыточного EF-2 из полирибосом (декомпартаментализации). Следовательно, эндогенное АДФ-рибозилирование могло бы регулировать степень компартаментализации EF-2 на полирибосомах эукариотической клетки. Ассоциация EF-2 с полирибосомами, вероятно, имеет несколько целей: во-первых, она поддерживает увеличенную локальную концентрацию EF-2 непосредственно вблизи мест его функционирования, что может быть важным в большом объеме эукариотической клетки; во вторых, избыточный EF-2, обратимо связанный с мРНК, возможно, имеет особую функцию в преодолении трансляционных барьеров, например, стабильной вторичной структуры. Таким образом, скорость элонгации можно регулировать, регулируя компартаментализацию EF-2 на полирибосомах с помощью механизма эндогенного АДФ-рибозилирования.

Возможно, аналогичная регуляция степени компартаментализации на полирибосомах существует также в случае другого фактора элонгации, EF-1. Л.П. Овчинниковым с сотр. было обнаружено, что полирибосомная фракция эукариотической клетки содержит латентную фосфокиназу, которая в определенных условиях может активироваться и специфически фосфорилирует α -субъединицу EF-1; в результате EF-1 утрачивает свое неспецифическое сродство к высокомолекулярным РНК и покидает полирибосомы. Нельзя исключить того, что фосфорилирование EF-1 α может оказывать влияние на скорость элонгации и служить для регуляции трансляционного процесса в клетке.

Рекомендуемая литература

Безлепкина Т. А., Давыдова Е. К., Ситиков А. С. и др. Эукариотический фактор элонгации EF-2 утрачивает неспецифическое сродство к РНК в результате АДФ-рибозилирования. — Докл. АН СССР, 1984, Т. 278, С. 751–754.

Cohen P., van Heyningen S., eds. Molecular Actions of Toxins and Viruses. — Amsterdam: Elsevier, North-Holland, 1982, p. 51–105.

Freedman R. B., Hawkins H. C., eds. The Enzymology of Post-translational Modification of Proteins. — L.-N.Y.: Acad. Press, 1980, v. 1, p. 387–422.

Ovchinnikov Yu. A., ed. Progress in Bioorganic Chemistry and Molecular Biology. — Amsterdam and London: Elsevier Sci. Publ., 1984, p. 71–82.

Ballinger D. G., Pardue M. L. The control of protein synthesis during heat shock in *Drosophila* cells involves altered polypeptide elongation rates. — Cell, 1983, v. 33, p. 103–114.

Chaney W. G., Morris A. J. Nonuniform size distribution of nascent peptides. The effect of messenger RNA structure upon the rate of translation. — Arch. Biochem. Biophys., 1979, v. 194, p. 283–291.

Chavaney G., Chevallier A., Fournier M., Garel J. P. Adaptation of iso-tRNA concentrations to mRNA codon frequency in the eukaryotic cell. — Biochimie, 1979, v. 61, p. 71–78.

Collier R. J. Diphtheria toxin: mode of action and structure. — Bact. Rev., 1975, v. 39, p. 54–85.

Daydova E. K., Sitikov A. S., Ovchinnikov L. P. Phosphorylation of elongation factor 1 in polyribosome fraction of rabbit reticulocytes. — FEBS Lett., 1984, v. 176, p. 401–405.

Domogatsky S. P., Vlasik T. N., Seryakova T. A., et al. Difference in RNA-binding ability between eukaryotic and prokaryotic elongation factors of translation. — FEBS Lett., 1978, v. 96, p. 207–210.

Garel J.-P. Quantitative adaptation of isoacceptor tRNAs to mRNA codons of alanine, glycine, and serine. — Nature, 1976, v. 260, p. 805–806.

Gehrke L., Bast R. E., Ilan J. An analysis of rates of polypeptide chain elongation in avian liver explants following *in vivo* estrogen treatment. II. Determination of the specific

rates of elongation of serum albumin and vetellogenin nascent chains. — J. Biol. Chem., 1981, v. 256, p. 2522–2530.

Grosjean H., Fiers W. Preferential codon usage in prokaryotic genes: the optimal codon-anticodon interaction energy and the selective codon usage in efficiently expressed genes. — Gene, 1982, v. 18, p. 199–209.

Ikemura T. Correlation between the abundance of *Escherichia coli* transfer RNAs and the occurrence of the respective codons in its protein genes. — J. Mol. Biol., 1981, v. 146, p. 1–21.

Lee H., Iglewski W. J. Cellular ADP-ribosyl-transferase with the same mechanism of action as diphtheria toxin and *Pseudomonas* toxin A. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1984, v. 81, p. 2703–2707.

Lizardi P. M., Mahdavi V., Shields D., Candelas G. Discontinuous translation of silk fibroin in a reticulocyte cell-free system and in intact silk gland cells. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1979, v. 76, p. 6211–6215.

Olsnes S. Directing toxins to cancer cells. — Nature, 1981, v. 290, p. 84.

Pappenheimer A. M. Diphtheria toxin. — Ann. Rev. Biochem., 1977, v. 46, p. 69–94.

Protzel A., Morris A. J. Gel chromatographic analysis of nascent globin chains. Evidence of nonuniform size distribution. — J. Biol. Chem., 1974, v. 249, p. 4594–4600.

Ramabhadran T. V., Thach R. E. Translational elongation rate changes in encephalomyocarditis virus-infected and interferon-treated cells. — J. Virol., 1981, v. 39, p. 573–583.

Sitkov A. S., Davydova E. K., Bezlepkina T. A. et al. Eukaryotic elongation factor EF-2 loses its nonspecific affinity for RNA and leaves polyribosomes as a result of ADP-ribosylation. — FEBS Lett., 1984, v. 176, p. 406–410.

Sitkov A. S., Davydova E. K., Ovchinnikov L. P. Endogenous ADP-ribosylation of elongation factor 2 in polyribosome fraction of rabbit reticulocytes. — FEBS Lett., 1984, v. 176, p. 261–263.

Svitkin Yu. V., Agol V. I. Translational barrier in central region of encephalomyocarditis virus genome. Modulation by elongation factor 2 (eEF-2). — Eur. J. Biochem., 1983, v. 133, p. 145–154.

Varenne S., Knibiehler M., Cavard D. et al. Variable rate of polypeptide chain elongation for colicins A, E2 and E3. — J. Mol. Biol., 1982, v. 159, p. 57–70.

Глава VI

ИНИЦИАЦИЯ ТРАНСЛЯЦИИ И ЕЕ РЕГУЛЯЦИЯ У ПРОКАРИОТ

1. ЗНАЧЕНИЕ ИНИЦИАЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ

Инициация в процессе биосинтеза белка означает не просто начало элонгации. Прежде всего, так как начало кодирующей последовательности мРНК не совпадает с началом полинуклеотидной цепи, а всегда находится, отступя от ее 5'-конца (иногда на значительное расстояние), необходимо точное узнавание первого кодона на внутренней части цепи. Это узнавание определяет не только начало полипептидной цепи, которая синтезируется, но и задает фазу всего дальнейшего считывания мРНК по триплетам, т. е. абсолютно критично для всей аминокислотной последовательности полипептида. Другими словами, именно инициация определяет фиксированную точку на матричном полинуклеотиде, с которой начинается отсчет триплетов без запятых (см. гл. А. II).

С другой стороны, инициация является главной точкой прило-

жения механизмов регуляции синтеза белка на уровне трансляции. Регуляция на уровне трансляции у прокариот практически целиком сводится к разрешению или предотвращению **инициации** трансляции данных кодирующих последовательностей мРНК рибосомами; именно этим путем достигается избирательная или преимущественная трансляция одних мРНК или отдельных ее цистронов и выключение трансляции других. Кроме того, разная скорость инициации на разных мРНК или их цистронах определяет соотношение продукции соответствующих белков.

В связи со сказанным, существует специальный, довольно сложный механизм инициации трансляции, обеспечивающий как точное узнавание начала кодирующей последовательности и ее дальнейшую фазировку, так и возможность положительных и отрицательных регуляторных влияний.

2. ИНИЦИИРУЮЩИЕ КОДОНЫ, ИНИЦИАТОРНАЯ тРНК И БЕЛКОВЫЕ ФАКТОРЫ ИНИЦИИИ

Иницирующие кодоны. Трансляция природных мРНК или ее отдельных цистронов (в случаях полицистронных мРНК) начинается, как правило, с триплета AUG или, гораздо реже, GUG или UUG. Эти триплеты, таким образом, могут служить как иницирующие кодоны матрицы. В некоторых, еще более редких, случаях триплеты AUU и AUA также, по-видимому, могут быть иницирующими кодонами. Таким образом, иницирующий кодон — как правило, AUG — начальная точка отсчета триплетов вдоль матрицы по направлению к ее 3'-концу.

Инициаторная тРНК. Иницирующие кодоны узнаются специальной инициаторной тРНК. Антикодомом этой тРНК служит CAU, который способен спариваться с иницирующим кодоном, как правило, с AUG, но также и с GUG, UUG, AUU или AUA, когда они являются иницирующими. Очевидно, здесь может иметь место необычное неканоническое спаривание по 1-му положению кодона ($U \cdot G$ и $U \cdot U$), а также, в более редких случаях, нестрогое спаривание по 3-му положению кодона ($C \cdot A$, $C \cdot U$), отличающиеся от Криковского нестрогого соответствия при 3-м положении кодона в процессе элонгации. Это можно объяснить тем, что при инициации первичное кодон-антиконовое узнавание происходит в Р-участке рибосомы, а не в А-участке, как в случае элонгации.

Структура инициаторной тРНК организована принципиально так же, как и структура обычных тРНК, хотя некоторые отличия могут быть отмечены. Например, в инициаторной тРНК 5'-концевой нуклеотидный остаток не спарен с противолежащим нуклеотидным остатком 3'-концевого участка (рис. 114); это, по-видимому, дает большую гибкость акцепторному концу инициаторной тРНК, который, как показано рентгеноструктурным анализом, может загибаться по направлению к 5'-концу, а не продолжает спиральную организацию акцепторного черешка, как в обычных тРНК. Кроме

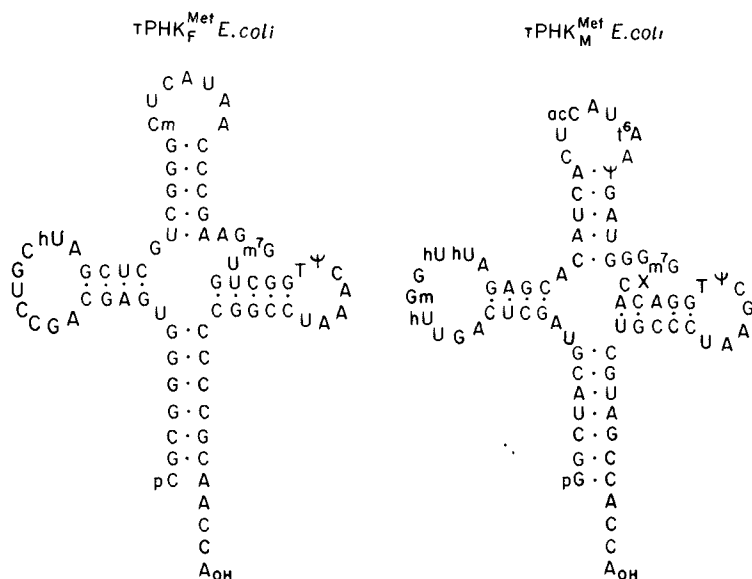
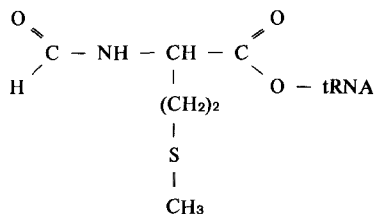


Рис. 114. Нуклеотидная последовательность и схема вторичной структуры прокариотической инициаторной тРНК (тРНК_F^{Met}, слева) в сравнении с прокариотической метиониновой тРНК, участвующей в элонгации (тРНК_M^{Met}, справа) (по S. K. Dube et al. Nature, 1968, v. 218, p. 232–233; S. Cory et al. Nature, 1968, v. 220, p. 1039–1040)

того, в инициаторной тРНК нуклеотидные остатки дигидроуридиловой петли (положения 16–17) более компактно упакованы друг с другом и с ядром тРНК, чем в обычных тРНК, где они рыхло торчат в районе угла L-образной молекулы. Интересное отличие найдено также в антикодонной петле: хотя стэкинговая структура антикодона и двух примыкающих к нему с 3'-стороны пуриновых остатков очень похожа у инициаторной и у обычных тРНК, но инвариантный урацил в положении 33, примыкающий к антикодону с 5'-стороны, оказывается вывернутым наружу (а не обращенным внутрь петли и связанным с фосфатом 3-го остатка антикодона) в случае инициаторной тРНК; в связи с этим и структура самого антикодона оказывается несколько искаженной по сравнению с антикодонами других тРНК.

Инициаторная тРНК имеет сродство к обычной метионил-тРНК-синтетазе и, соответственно, акцептирует метионин в качестве аминокислоты. Таким образом, в клетке два класса тРНК оказываются ацилированными метионином: обычная тРНК^{Met}, узнающая только метиониновый кодон AUG при элонгации, и инициаторная тРНК, узнающая кодон AUG, а также GUG, UUG и другие в процессе инициации. В отличие от Met-tRNA^{Met}, инициаторная Met-tRNA является субстратом специальной формилтрансферазы, которая переносит формильную группу от формилтетрагидрофолата

на аминогруппу остатка метионина, давая в результате формил-метионил-тРНК:



Поэтому инициаторную тРНК, в отличие от тРНК^{Met}, обычно обозначают индексом F: тРНК^{Met}_F. Именно в аминоацилированной и формилированной форме (F-Met-tRNA^{Met}_F) она является инициатором трансляции. Соответственно, первым аминокислотным остатком любой синтезируемой полипептидной цепи в прокариотической рибосоме всегда является формилметионин. В последующем, в ходе элонгации формильный остаток, как правило, отщепляется формилазой; метиониновый остаток тоже часто (но не всегда) отщепляется от растущей полипептидной цепи специальной аминопептидазой.

У архебактерий, однако, инициаторная метионил-тРНК не формилирована.

Белковые факторы инициации. Существуют три специальных белка, необходимых для процесса инициации у прокариот; они получили название факторов инициации IF-1, IF-2 и IF-3.

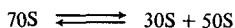
IF-1 представляет собой небольшой белок основного характера с молекулярной массой около 9000 дальтон. IF-1 обнаруживается не у всех видов бактерий.

IF-2, наоборот, крупный белок кислой природы с важной для функции SH-группой. Это — главный фактор инициации. Он выделен в двух формах, несколько различающихся по молекулярной массе: одна (IF-2a) — около 100000, а другая (IF-2b) — около 90000 дальтон; обе формы, по-видимому, функционально эквивалентны в процессе инициации. IF-2 имеет сродство к ГТФ и образует с ним нестабильный комплекс. IF-2 с ГТФ взаимодействует с F-Met-tRNA и с рибосомой (с 30S субчастицей). ГТФ может быть заменен его нерасщепляемым аналогом.

IF-3 — белок слегка основного характера с молекулярной массой 21000—23000 дальтон; для него тоже описаны две функционально эквивалентные формы: одна — с длиной полипептидной цепи 181 аминокислотный остаток, и другая — укороченная на 6 остатков с N-конца.

3. СОСТОЯНИЕ РИБОСОМЫ ПЕРЕД ИНИЦИАЦИЕЙ

Свободные нетранслирующие 70S рибосомы в ионных и температурных условиях, благоприятных для трансляции, находятся в динамическом равновесии со своими 30S и 50S субчастицами (см. В. V.1):



Оказалось, что в первичной ассоциации с мРНК и следующей затем инициации трансляции участвует, скорее, 30S субчастица, а не 70S рибосома. Именно 30S субчастица уводится из этой равновесной смеси на мРНК и затем вовлекается в первые стадии инициации. 50S субчастица присоединяется на более поздних стадиях инициации к 30S-мРНК-инициаторному комплексу. Факторы инициации — прежде всего IF-3 (а также, возможно, IF-1) — способствуют сдвигу равновесия в сторону диссоциации свободных нетранслирующих рибосом на субчастицы.

В случае полицистроновой матрицы рибосома после терминции на предыдущем цистроне может перейти в нетранслирующее состояние, но остаться (на некоторое время) в ассоциации с мРНК. Из такого состояния она может либо диссоциировать в раствор, либо непосредственно перейти к инициации трансляции на следующем цистроне, без диссоциации от мРНК. Вероятность перехода той же рибосомы к инициации трансляции следующего цистрона определяется, по-видимому, длиной и структурой межцистронового участка: чем он короче и менее структурирован, тем больше шансов на инициацию без диссоциации. Однако и в данном случае похоже на то, что на матрице удерживаются лишь 30S субчастицы, а 50S субчастицы, как результат терминции трансляции, находятся с ними в обратимом равновесии и, таким образом, обмениваются.

4. АССОЦИАЦИЯ РИБОСОМЫ С МАТРИЧНЫМ ПОЛИНУКЛЕОТИДОМ

Для того чтобы свободная нетранслирующая рибосомная частица (30S субчастица) соединилась с мРНК в районе иницирующего кодона, должен быть выполнен целый ряд структурных требований. Прежде всего, этот район должен быть достаточно открытым для взаимодействия; во всяком случае, иницирующий кодон и прилегающие к нему участки не должны быть спрятаны в стабильной вторичной или третичной структуре матричного полинуклеотида. Возможно, существует какая-то специальная конформация рибосомосвязывающего района матрицы, предпочтительная для узнавания соответствующего участка рибосомой (30S субчастицей).

Наиболее очевидной универсальной структурной чертой рибосомсвязывающих районов прокариотических мРНК является существование полипуриновой нуклеотидной последовательности (последовательность Шайна — Дальгарно), отстоящей от иницирующего кодона на несколько (3—10) нуклеотидов к 5'-концу, т. е. предшествующей иницирующему кодону. Эта последовательность в большей или меньшей степени комплементарна 3'-концевому участку рибосомной 16S РНК, богатому пиримидиновыми нуклеотидными остатками (...GAUCCACCUUUA_{ОН} в *E. coli*). Комплементарными могут быть от 3 до 9 остатков (обычно около 4—5). Последовательность CCUCCU 3'-концевого участка 16S РНК (*E. coli*) оказывается наиболее часто комплементарной (хотя, как правило,

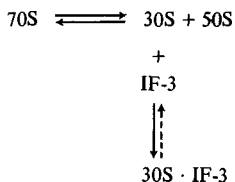
частично) полипуриновой прединициирующей последовательности мРНК. Некоторые примеры даны на рис. 115. Считается, что комплементарное спаривание 3'-концевого участка 16S РНК с прединициирующим полипуриновым блоком мРНК прямо участвует в ассоциации свободной рибосомной 30S субчастицы с матричным полинуклеотидом.

Необходимо отметить, однако, что инициация трансляции свободными рибосомами в какой-то мере возможна, по-видимому, также и на матрицах без последовательности Шайна — Дальгарно. Так, мРНК репрессора *cI* фага λ , транскрибируемая с промотора λ_{pRM} (в лизогенной клетке), вообще не имеет прединициирующей последовательности, но инициация на ней происходит, хотя и не очень эффективно. Бактериальные рибосомы могут осуществлять также инициацию на некоторых чужеродных (эукариотических) РНК, лишенных последовательности Шайна — Дальгарно, например, на РНК 4 вируса мозаики костра; инициация требует всех трех бактериальных факторов инициации и происходит на нормальном иницирующем кодоне. Отсюда последовательность Шайна — Дальгарно, безусловно, вносит важный вклад в эффективную ассоциацию рибосомных частиц с матрицей, но не является абсолютным требованием.

Если рибосома читает полицистронную мРНК и после терминации предыдущего цистрона не соскакивает с матрицы, то для новой инициации на следующем цистроне она, по-видимому, не требует последовательности Шайна — Дальгарно.

5. ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ СОБЫТИЙ В ПРОЦЕССЕ ИНИЦИАЦИИ

Итак, во всех случаях инициации трансляции предшествует диссоциация нетранслирующих 70S рибосом на 30S и 50S субчастицы. Как уже говорилось, в физиологических условиях нетранслирующие рибосомы находятся в обратимом равновесии со своими субчастицами. IF-3 имеет довольно сильное сродство именно к диссоциированной 30S субчастице и, связываясь с ней, препятствует ее реассоциации с 50S субчастицей; таким образом, 30S субчастица выводится из равновесия и подготавливается для инициации:



Два других фактора инициации, IF-1 и IF-2, также имеют большее или меньшее сродство к 30S субчастице и могут связываться с ней:



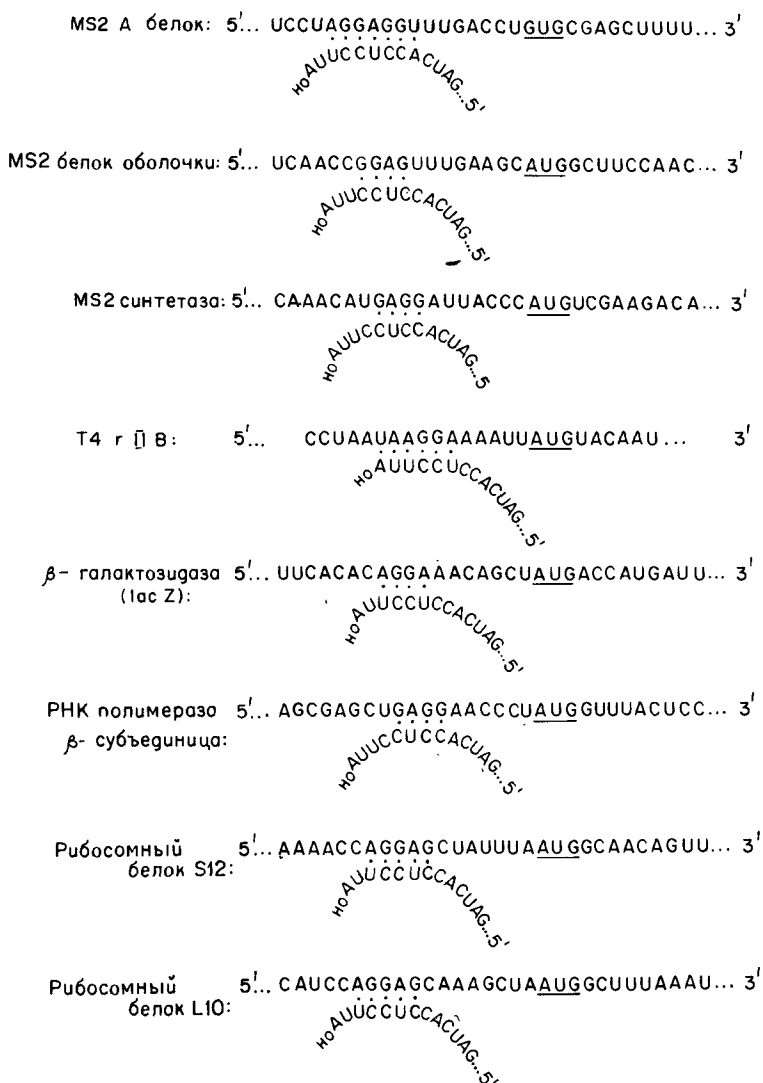
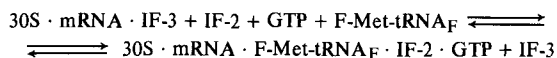


Рис. 115. Нуклеотидные последовательности, предшествующие инициаторному кодону (AUG или GUG), для ряда мРНК, кодирующих фаговые и бактериальные белки, и схема спаривания их полипиримидиновых блоков (последовательности Шайна — Дальгарно) с 3'-концевым полипиримидиновым блоком рибосомной 16S РНК

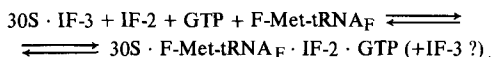
Далее, 30S субчастица с IF-3 или со всеми факторами инициации может ассоциировать с инициаторным районом мРНК. Этот район может находиться близко у 5'-конца или далеко от него, а в случае полицистронных мРНК таких районов может быть несколько вдоль всей цепи мРНК; важно лишь то, чтобы он был открыт для взаимодействия, имел подходящую конформацию и содержал прединицирующую полипуриновую последовательность Шайна—Дальгарно и иницирующий триплет AUG (или GUG, или UUG, и т. д.). Сама 30S субчастица, без факторов инициации, также способна узнавать иницирующий район мРНК и связываться с ним. Вместе с тем, IF-3, по-видимому, способствует ассоциации 30S субчастицы с мРНК, возможно, путем усиления комплексарного взаимодействия 3'-конца рибосомной РНК с последовательностью Шайна—Дальгарно или путем привнесения дополнительного взаимодействия между рибосомной частицей и матрицей.

На следующей стадии вступает в действие IF-2, либо уже ассоциированный с 30S субчастицей, либо находящейся в растворе. Он взаимодействует с ГТФ и с инициаторной F-Met-tRNA_F, в результате чего имеет место кооперативное образование инициаторного 30S-комплекса с освобождением IF-3:



Здесь, как и в случае факторов элонгации, ГТФ выступает в роли эффектора, придающего фактору IF-2 повышенное сродство к рибосоме (в данном случае к 30S субчастице) и к соответствующей тРНК (F-Met-tRNA_F). По-видимому, сначала ГТФ взаимодействует с IF-2, а затем комплекс IF-2 · GTP связывает F-Met-tRNA; F-Met-tRNA узнает иницирующий кодон на 30S субчастице, а IF-2 · GTP обеспечивает дополнительное взаимодействие, комплексируясь одновременно с F-Met-tRNA и с рибосомной частицей. В процессе образования этого инициаторного 30S-комплекса ГТФ не расщепляется и, как уже отмечалось, может быть с полным успехом заменен на его нерасщепляемый аналог — гуанилилметиленидифосфонат (GMPPCP) или гуанилилимидодифосфат (GMPPNP).

Однако не исключен и альтернативный путь образования инициаторного 30S-комплекса. Дело в том, что рибосомная 30S субчастица без мРНК тоже имеет собственное сродство к инициаторной F-Met-tRNA, а также к IF-2. Это создает хорошую возможность взаимодействия F-Met-tRNA · IF-2 · GTP с 30S субчастицей в отсутствие матрицы:



Лишь после этого 30S субчастицы вместе с F-Met-tRNA специфически связываются с иницирующим районом и иницирующим кодоном мРНК; антикодон F-Met-tRNA способствует специфичности и точности узнавания района с иницирующим триплетом

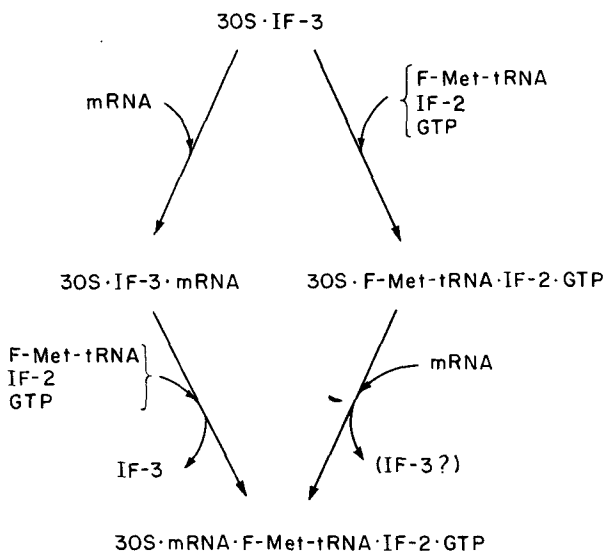


Рис. 116. Два возможных альтернативных реакционных пути образования инициаторного 30S комплекса: слева — ассоциация рибосомной 30S субчастицы с мРНК и затем связывание инициаторной тРНК; справа — связывание инициаторной тРНК с 30S субчастицей и затем ассоциация с мРНК; оба пути дают в результате одинаковый комплекс

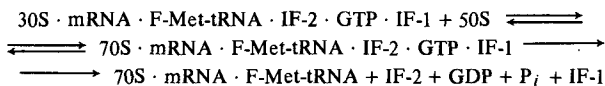
на мРНК. Хотя в настоящее время большинство исследователей, работающих с бесклеточными системами, отдают предпочтение первому пути, не исключено, что в клетке сосуществуют оба пути, или даже второй может использоваться предпочтительнее.

Два альтернативных пути образования инициаторного 30S-комплекса схематически представлены на рис. 116.

Роль третьего, самого маленького, белка IF-1 не очень ясна в процессе образования инициаторного 30S-комплекса. С одной стороны, есть указания на его вклад в увеличение скорости диссоциации нетранслирующих 70S рибосом на субчастицы. С другой стороны, он стабилизирует связывание двух других факторов инициации, IF-3 и IF-2, с 30S субчастицей, связываясь и сам в их присутствии (кооперативное связывание трех факторов инициации). IF-1 присутствует в конечном инициаторном 30S-комплексе с мРНК и F-Met-tRNA (в то время как IF-3, по-видимому, освобождается при связывании F-Met-tRNA) и, как полагают, стабилизирует его.

Инициаторный 30S-комплекс теперь имеет сильное сродство к свободной 50S субчастице, так что они ассоциируют, давая в результате 70S-комплекс. При этом F-Met-tRNA оказывается в Р-участке рибосомы. IF-2, ассоциированный с F-Met-tRNA и с 30S субчастицей, взаимодействует также с 50S субчастицей в комплексе, непосредственно контактируя с районом у основания L7/L12-

стержня. В результате взаимодействия наводится ГТФазная активность, и ГТФ гидролизует на ГДФ и ортофосфат. Это, в свою очередь, приводит к резкому уменьшению сродства IF-2 к F-Met-tRNA и к рибосоме, так что IF-2 с ГДФ освобождаются в раствор. Имеются указания, что IF-1 сильно способствует освобождению IF-2 после распада ГТФ. 70S рибосома остается с мРНК и с инициаторной F-Met-tRNA в Р-участке, где иницирующий кодон связан с антикодоном инициаторной тРНК. Таким образом,



(существует альтернативное предположение, что IF-1 выходит из инициаторного комплекса после ассоциации с 50S субчастицей и до гидролиза ГТФ).

Образовавшийся конечный инициаторный 70S-комплекс способен воспринять аминоксил-тРНК (с EF-T₀ и ГТФ) на свой вакантный А-участок и начать элонгацию.

Схема последовательности событий при образовании инициаторного комплекса дана на рис. 117.

Если вместо ГТФ присутствовал его нерасщепляемый аналог, то ассоциация с 50S субчастицей и образование инициаторного промежуточного 70S-комплекса происходит нормально, включая правильную установку F-Met-tRNA в Р-участок, но последующего освобождения IF-2 не происходит, что, очевидно, препятствует связыванию очередной аминоксил-тРНК на А-участок и, стало быть, началу элонгации. В то же время, в эксперименте IF-2 с нерасщепляемым аналогом ГТФ могут быть физически отмыты от 70S-комплекса, и тогда комплекс ничем не отличается от образующегося в результате расщепления ГТФ: он имеет F-Met-tRNA и иницирующий кодон в Р-участке, вакантный А-участок и, таким образом, способен начать элонгацию. Следовательно, как и в случаях функционирования факторов элонгации, гидролиз ГТФ при инициации трансляции не сопряжен ни с одним из «активных» событий процесса — ни с посадкой инициаторной тРНК и соответствующего иницирующего кодона матрицы в Р-участок, ни с ассоциацией и подгонкой двух рибосомных субчастиц; гидролиз ГТФ оказывается нужным только для удаления белкового фактора (IF-2), сделавшего свое дело и теперь мешающего следующей стадии (связыванию очередной аминоксил-тРНК). Особенно большую аналогию IF-2 обнаруживает именно с EF-G: оба белка близки по молекулярной массе, оба не образуют стабильных комплексов с ГТФ и тРНК, оба имеют дело с N-блокированными производными аминоксил-тРНК и, наконец, оба участвуют в установке таких тРНК в Р-участок рибосомы. Не исключено, что оба белка гомологичны и что IF-2 мог возникнуть из EF-G в процессе эволюционной специализации стадии инициации трансляции.

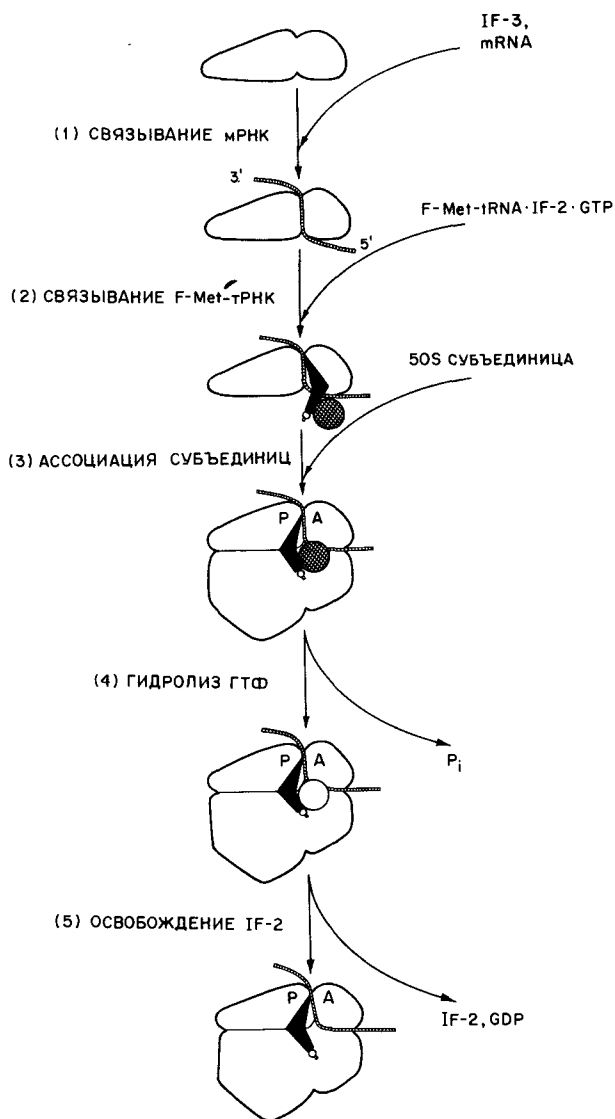


Рис. 117. Схема последовательности событий в процессе инициации трансляции у прокариотических организмов

6. ИНИЦИАЦИЯ БЕЗ КОМПОНЕНТОВ ИНИЦИИ

«Гиена — хищный зверь, охотится ночью только при луне, а если луны нет, то без».

Уже говорилось, что для ассоциации рибосомы (30S субчастицы) с мРНК требуется полипуриновая последовательность Шайна — Дальгарно перед иницирующим кодоном матрицы. Однако, если она отсутствует, то ассоциация с последующей инициацией тоже может происходить (хотя и менее эффективно).

IF-1 тоже требуется для инициации, во всяком случае в системах *E. coli* с природными мРНК. Однако это требование не абсолютное, и инициация возможна также и без IF-1 (не говоря уже о том, что в некоторых бактериях, таких как *Bacillus stearothermophilus*, *Caulobacter crescentus*, вообще не найдено IF-1 или его аналога).

Известно, что при использовании некоторых синтетических матричных полинуклеотидов, например поли(U, G), инициация с участием инициаторной F-Met-tRNA, иницирующего кодона GUG и IF-2 с ГТФ может происходить также и без IF-3.

Требование, чтобы в инициации участвовал IF-2 с ГТФ, является наиболее жестким. Однако, как известно, 30S субчастица имеет собственное преимущественное сродство к тРНК_F, по сравнению с другими тРНК, так что при повышенных концентрациях Mg²⁺ в присутствии кодона AUG (или GUG) инициаторная тРНК может довольно избирательно связываться с рибосомной частицей без IF-2 и ГТФ; в результате такого бесфакторного связывания F-Met-tRNA оказывается в Р-участке рибосомы и образует нормальный инициаторный комплекс, готовый к элонгации.

Хотя обычным иницирующим кодоном в прокариотических системах является AUG, триплеты GUG и UUG также используются, хотя и гораздо реже, в качестве инициаторных. Более того, в некоторых случаях инициация *in vivo* с участием той же F-Met-tRNA_F может осуществляться и на некоторых других триплетах, таких как AUU и AUA. Известны случаи, когда элонгация прерывается вследствие мутации, приводящей к появлению терминирующего кодона, но рибосома не соскакивает с матрицы, а реинициирует трансляцию, используя близлежащий триплет GUG, UUG или CUG. Известны также мутантные мРНК, в которых иницирующий триплет AUG (которому предшествует последовательность Шайна — Дальгарно) изменен в AUA или в ACG; хотя эффективность инициации таких мРНК резко падает, но тем не менее какой-то уровень инициации с участием нормальной инициаторной F-Met-tRNA_F (антикодон CAU!) и всех факторов инициации сохраняется. В определенных искусственных условиях в бесклеточных системах показана даже возможность использования поли(U) в качестве матрицы для инициации трансляции с помощью F-Met-tRNA_F и факторов инициации.

Наконец, инициация трансляции в искусственных условиях возможна без нормальной инициаторной F-Met-tRNA_F. С одной стороны, в системах *in vitro* довольно удовлетворительную инициацию с участием факторов инициации можно получить, используя некоторые N-блокированные аминокацил-тРНК, например, N-ацетилфенилаланил-тРНК (N-Ac-Phe-tRNA^{Phe}) в системе с поли(U). Блокирование NH₂-группы аминокацильного остатка аминокацил-тРНК необходимо, по-видимому, для взаимодействия с IF-2 и для большей вероятности правильного попадания и ориентации в Р-участке рибосомы, а также для последующей хорошей реактивности с очередной аминокацил-тРНК в А-участке. Однако и это требование не является совсем абсолютным: любая аминокацил-тРНК без факторов инициации может сесть в Р-участок вакантной рибосомы в соответствии с кодоном матричного полинуклеотида, после чего другая аминокацил-тРНК может занять А-участок, и между ними произойдет реакция с образованием первой пептидной связи. Конечно, это гораздо более медленный и менее точный процесс, чем нормальная инициация, но в отсутствие компонентов инициаторного аппарата он происходит, требуя лишь повышенных концентраций Mg²⁺ для обеспечения достаточного сродства рибосомы к лигандам (тРНК, мРНК). Именно так начинается трансляция поли(U) с участием Phe-tRNA в простейших бесклеточных системах.

7. РЕГУЛЯЦИЯ ИНИЦИАЦИИ (РЕГУЛЯЦИЯ СИНТЕЗА БЕЛКА НА УРОВНЕ ТРАНСЛЯЦИИ)

Обычно считается, что главным способом регуляции синтеза белка у прокариот является регуляция на уровне транскрипции. Действительно, метаболическая нестабильность (быстрый синтез и быстрый распад) мРНК в клетках прокариот обеспечивает практически немедленную смену матриц в зависимости от меняющихся условий среды и потребностей клетки. В то же время, однако, существование полицистронных матриц у прокариот часто требует дифференциального управления активностью отдельных цистронов для осуществления количественно разной и/или разновременной продукции белков, кодируемых одним полинуклеотидом. Кроме того, в ряде случаев накопление неиспользуемых количеств продукта трансляции выгодно использовать для немедленного выключения именно трансляции соответствующей мРНК и тем самым осуществлять очень тонкую подгонку размера продукции и ее потребления в клетке. Во всех известных случаях точкой приложения регуляции на уровне трансляции у прокариот является стадия инициации.

Регуляция инициации может осуществляться несколькими путями. Во-первых, количественно разный уровень продукции на разных мРНК или разных цистронах одной полицистронной мРНК может осуществляться за счет разной «силы» инициаторных районов матриц: одни весьма эффективно (с большим сродством) ассоциируют с рибосомными частицами и дают начало инициаторному комплексу, в то время как другие делают это медленнее. В частности,

степень комплементарности и длина последовательности Шайна — Дальгарно может определять «силу» инициаторного района мРНК. Здесь разница в первичной структуре иницирующего района может задавать постоянную разницу продуктивности разных мРНК или разных цистронов в трансляции. Во-вторых, известен способ негативной регуляции инициации за счет пространственной структуры иницирующего района мРНК: сворачивание в стабильную вторичную и третичную структуру может блокировать инициацию. В таком случае лишь расплетание, либо как результат расплетающего действия рибосом, читающих предшествующий цистрон, в случае полицистронной мРНК (см. ниже), либо под действием специального агента, дестабилизирующего пространственную структуру соответствующего района мРНК, открывает путь для инициации. В-третьих, весьма избирательная негативная регуляция инициации может осуществляться белками, специфически связывающимися с тем или иным инициаторным районом мРНК и тем самым блокирующими («репрессирующими») ассоциацию с рибосомой. Это настоящая репрессия трансляции. Функцию таких репрессоров трансляции часто выполняют белки, имеющие какую-то совсем другую главную функцию в клетке.

Ниже будут рассмотрены, в качестве примера, две системы, в которых имеет место регуляция на уровне трансляции через ее инициацию.

Регуляция трансляции РНК фага MS2

РНК бактериофага MS2 содержит три цистрона, разделенных нетранслируемыми последовательностями, и один цистрон, перекрывающийся с двумя другими (см. раздел А. II. 4 и рис. 6). Ближе всего к 5'-концу этой полицистронной мРНК расположен А-цистрон (1182 нуклеотидных остатка, включая терминирующий кодон), кодирующий А-белок, или «белок созревания» (393 аминокислотных остатка). Далее по направлению к 3'-концу следует С-цистрон (393 нуклеотидных остатка, включая терминирующий кодон UAA), кодирующий белок оболочки фага (129 аминокислотных остатков). Ближе всего к 3'-концу располагается S-цистрон (1638 нуклеотидных остатков, включая терминирующий кодон UAG), кодирующий субъединицу РНК-репликазы (544 аминокислотных остатка). L-цистрон (228 нуклеотидных остатков вместе с терминирующим кодоном UAA), кодирующий маленький белок лизиса (75 аминокислотных остатков), перекрывает не в фазе конец С-цистрона, нетранслируемую последовательность и начало S-цистрона. (Следует заметить, что при синтезе белка оболочки и субъединицы РНК-репликазы N-концевой метионин отщепляется, и поэтому количество аминокислотных остатков в готовом белке на один меньше, чем количество значащих кодонов матрицы.)

Три неперекрывающихся цистрона имеют предшествующие им полипуриновые последовательности Шайна — Дальгарно; они приведены на рис. 115. В соответствии со степенью комплементарности

к 3'-концевой последовательности 16S РНК, можно думать, что «сила узнавания» рибосомой иницирующего района и, следовательно, интенсивность инициации трансляции на А-цистроне будет выше, чем на С- и S-цистронах. Действительно, на изолированных рибосомосвязывающих фрагментах РНК родственного фага R17 было показано, что 30-ти нуклеотидный фрагмент, содержащий иницирующий кодон А-цистрона, значительно лучше связывается с 30S субчастицей, чем аналогичные фрагменты, содержащие иницирующие кодоны S-цистрона или С-цистрона. Однако на целой MS2 РНК этого не наблюдается: А-цистрон, так же как и S-цистрон, практически не может связывать рибосомы вследствие участия их иницирующих районов во вторичной и третичной структуре MS2 РНК. С-цистрон является единственным, на котором может происходить независимая инициация трансляции свободными рибосомами, т. е. открыт для взаимодействия.

В соответствии с вышесказанным трансляция интактной MS2 РНК в бесклеточных системах, а также, по-видимому, и *in vivo* начинается с инициации синтеза белка оболочки. Трансляция С-цистрона приводит к тому, что рибосомы движутся вдоль него по направлению к S-цистрону и расплетают структуру РНК по мере своего продвижения. Это приводит к открыванию иницирующего района цистрона S. Таким образом, еще до окончания трансляции С-цистрона первой рибосомой и синтеза первой молекулы белка оболочки иницирующий район S-цистрона делается доступным, и происходит инициация синтеза субъединицы РНК-репликазы.

Завершение трансляции С-цистрона первыми рибосомами приводит к тому, что в системе появляются свободные молекулы белка оболочки. По мере трансляции этот белок накапливается и в будущем будет вовлечен в самосборку готовых вирусных частиц. Однако он оказался обладающим также и другой функцией: он имеет сильное специфическое сродство к определенному участку MS2 РНК между С- и S-цистроном, включающему иницирующий кодон S-цистрона. Соответственно, он присоединяется к этому участку и репрессирует инициацию трансляции S-цистрона. Вероятно, репрессия происходит вследствие стабилизации лабильной вторичной структуры, показанной на рис. 11, белком оболочки фага и получающейся отсюда недоступности иницирующего кодона S-цистрона. Следовательно, через сравнительно короткое время после того, как трансляция S-цистрона была разрешена трансляцией предшествующего цистрона, происходит репрессия инициации трансляции S-цистрона вследствие накопления белкового продукта трансляции предшествующего цистрона. В этих условиях рибосомы, уже начавшие трансляцию, продолжают ее и в конце концов заканчивают синтез соответствующего количества молекул субъединиц синтетазы. Ограниченного количества этого белка достаточно, чтобы образовать активные молекулы РНК-репликазы, которые начнут репликацию MS2 РНК. В то же время репрессия дальнейшего синтеза этого белка позволяет избежать ненужной суперпродукции фермента. Белок оболочки фага, являющийся репрессором S-цистрона,

выполняет, таким образом, регуляторную функцию в трансляции.

Чтобы образовать молекулу активной РНК-репликазы, продукт S-цистрона фага комплексируется с тремя хозяйскими белками, выполняющими в нормальной клетке другие функции. Этими белками оказываются два фактора элонгации — EF-T_u и EF-T_s — и рибосомный белок S1. Таким образом, полный активный фермент является белком с четвертичной структурой, обладающим четырьмя различными субъединицами, лишь одна из которых кодируется фаговой РНК. РНК-репликаза является РНК-зависимой РНК-полимеразой, использующей исходную (+) цепь MS2 РНК сначала для образования комплементарной (–) цепи, а затем для синтеза на ней многочисленных копий исходной (+) цепи. А-цистрон не может транслироваться до тех пор, пока не начнется репликация MS2 РНК. Его иницирующий район, по-видимому, «спрятан» за счет вторичной и третичной структуры интактной РНК, и лишь некоторыми искусственными воздействиями, такими, как частичная нуклеазная или тепловая деградация исходной полинуклеотидной цепи, обработка формальдегидом, разрушающим спаривание оснований, и т. п., можно получить инициацию трансляции А-цистрона *in vitro*. Однако в начале репликации (+) цепи MS2 РНК, когда цепь растет в направлении от 5'-конца к 3'-концу, пространственная структура 5'-концевого отрезка, содержащего иницирующий кодон А-цистрона, в течение какого-то времени еще не сформирована, и, по-видимому, именно этот момент используется для инициации трансляции в нормальных условиях. Так как в готовой вирусной частице содержится всего одна молекула А-белка на 180 молекул белка оболочки, то сравнительно короткого промежутка времени, в течение которого возможна инициация трансляции А-цистрона, оказывается достаточно для надлежащей продукции А-белка. Затем наращиваемая далее последовательность цепи MS2 РНК вовлекает иницирующий район А-цистрона в образование структуры, которая исключает его доступность для свободных иницирующих рибосом.

В случае MS2 РНК после терминирования трансляции каждого из перечисленных цистронов происходит, по-видимому, диссоциация рибосом от матрицы. Каждый цистрон в соответствующий момент начинает транслироваться в результате независимой инициации свободными рибосомами из среды. Однако ситуация с L-цистроном, очевидно, другая. По каким-то структурным причинам не удастся получить эффективной ассоциации рибосом с инициаторным районом L-цистрона на MS2 РНК. Полагают, что инициация трансляции L-цистрона может иметь место вследствие время от времени происходящего спонтанного сдвига рамки (+1) при трансляции конца С-цистрона рибосомами: в этом случае рибосомы терминируют на триплете UAA, отстоящем на три нуклеотида к 5'-концу от иницирующего кодона L-цистрона, и, не успев соскочить с матрицы, реиницируют на первом близлежащем триплете AUG (см. рис. 7). Естественно, что продукция L-цистрона должна быть маленькой, как это и есть на самом деле.

Известно, что бактериальная клетка не допускает избыточной продукции рибосомных белков. Практически их синтезируется столько, сколько требуется для сборки рибосом, в соответствии с количеством образующейся рибосомной РНК, и сколько-нибудь серьезного избытка свободных рибосомных белков в нормальной клетке не бывает. Поразительно одинаковый и координированный уровень продукции всех 52 рибосомных белков достигается несмотря на то, что их гены вовсе не организованы в единый регулируемый блок, а представлены независимыми приблизительно 16 оперонами, распределенными по геному клетки. Оказалось, что координированно одинаковая продукция практически всех рибосомных белков и отсутствие их избыточной продукции поддерживаются регуляторным механизмом, обеспечивающим репрессию трансляции избытком белка (трансляционная регуляция по принципу обратной связи).

Значительная часть генов рибосомных белков (31 из 52) содержится в двух главных кластерах на хромосоме *E. coli*: в районе *str-spc* на 72 мин и в районе *rif* на 89 мин. Район *str-spc* содержит 4 оперона, кодирующих 27 рибосомных белков, а также EF-T_u, EF-G и α -субъединицу РНК-полимеразы. Район *rif* имеет 2 оперона, кодирующих 4 рибосомных белка, а также β - и β' -субъединицы РНК-полимеразы. Каждый оперон продуцирует соответствующую полицистронную мРНК. Цистроны и их последовательность в этих полицистронных мРНК схематически показаны на рис. 118.

Исследования группы М. Номуры в США показали, что в случае каждой из перечисленных полицистронных мРНК среди синтезируемых рибосомных белков имеется один, который одновременно является репрессором трансляции данной мРНК; этот белок обведен кружком на рис. 118. Это оказалось возможным показать как в опытах *in vivo*, так и в бесклеточных системах. В опытах *in vivo* наблюдали ингибирование синтеза рибосомных белков, кодируемых соответствующей мРНК, путем суперпродукции одного из обведенных кружком белков. Суперпродукция вызывалась путем использования плазмиды, содержащей *lac*-оператор и *lac*-промотор с геном одного из рибосомных белков, так что синтез белка можно было индуцировать индуктором *lac*-оперона (изопропилтиогалактозидом). Индукция белков S7, L4, S8, S4, L1 или L10 приводила к подавлению синтеза тех и только тех рибосомных белков, которые кодируются полицистронной мРНК с цистроном данного белка. Опыты *in vitro* дали еще более прямые результаты: добавление одного из перечисленных белков (S7, L4, S8, S4, L1 или L10) в бесклеточную систему трансляции приводило к избирательному ингибированию синтеза именно того ряда белков, который кодируется той же мРНК, что и добавленный белок. Добавление других рибосомных белков не приводило ни к какому ингибированию трансляции.

Однако синтез некоторых белков, кодируемых перечисленными

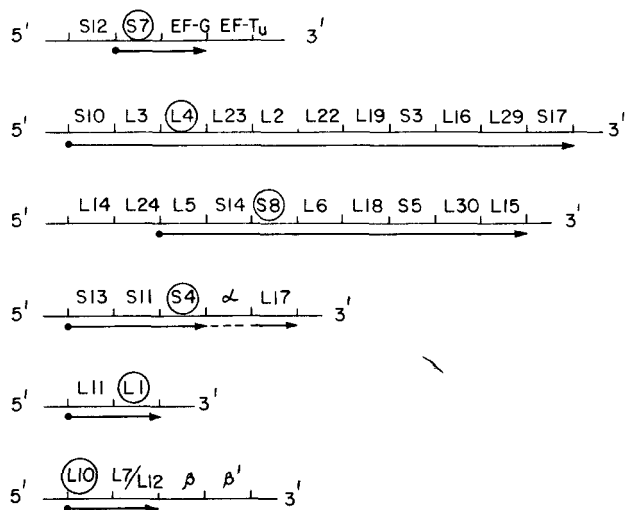


Рис. 118. Схема расположения кодирующих последовательностей (цистронов) рибосомных белков вдоль цепей полицистронных мРНК (по M. Nomura et al., in: Interaction of Translational and Transcriptional Controls in the Regulation of Gene Expression, N.-Y.: Elsevier Science Publishing Company Inc., 1982, p. 91–104; D. Dean, M. Nomura, Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1980, v. 77, p. 3590–3594):

α , β и β' — цистроны соответствующих субъединиц РНК-полимеразы; начало стрелки под последовательностью — точка действия регуляторного белка; стрелка простирается до цистрона, охватываемого этой регуляцией (включительно); кружок вокруг обозначения рибосомного белка указывает, что именно этот белок является регуляторным (репрессорным), присоединяясь к участку полицистронной мРНК, соответствующему началу стрелки

полицистронными мРНК, не реагировал на добавление рибосомных белков-репрессоров. Так, белок S12 продолжал синтезироваться после добавления в бесклеточную систему белка S7 или *in vivo* в результате избирательной индукции белка S7. Точно так же белки L14 и L24 не прекращали синтезироваться в ответ на добавление или суперпродукцию белка S8. Примечательно, что цистроны белков, не регулируемых белком S7 или S8, оказались проксимальными по отношению к 5'-концу полицистронной мРНК.

Перечисленные факты лучше всего могли бы быть объяснены, если исходить из допущения, что белок-репрессор, специфически связываясь с иницирующим районом какого-то одного цистрона, блокирует трансляцию всех цистронов в направлении к 3'-концу. Например, белок S8 связывается с началом цистрона белка L5, в результате чего репрессируется трансляция всех последующих (но не предыдущих!) цистронов. Это значит, что в случаях полицистронных мРНК для рибосомных белков независимая инициация трансляции каждого цистрона свободными рибосомами оказывается невозможной. Вместо этого реализуется так называемая «последовательная трансляция», когда рибосомы, терминировавшие на предыдущем цистроне, не соскакивают с матрицы, а

непосредственно переходят к реинициации на следующем цистроне. Такая «последовательная трансляция» цистронов обеспечивает эквивалентность продукции рибосомных белков в пределах данной полицистроновой мРНК. Отсутствие диссоциации рибосом (или, по крайней мере, их 30S субчастиц) от мРНК после терминирования трансляции и отсутствие независимой инициации внутренних цистронов свободными рибосомами как характерная черта трансляции полицистроновых мРНК, кодирующих рибосомные белки, является наиболее приемлемым объяснением полученных фактов.

В полицистроновых мРНК имеются, однако, и исключения. Так, показано, что трансляция цистронов EF-T_u и субъединиц РНК-полимеразы не подчиняется репрессорному действию белков S7, L10 и S4 (рис. 118); по-видимому, инициаторные районы этих цистронов могут связывать свободные рибосомы, обеспечивая независимую инициацию трансляции. С другой стороны, известно, что в случае синтеза белков L10 и L7/L12 продукция последнего (L7/L12) в четыре раза выше, чем продукция белка L10 (в соответствии с их стехиометрией в рибосоме!); следовательно, и здесь имеется скорее всего независимая инициация трансляции на цистроне белка L7/L12, причем «сила инициации» у этого цистрона оказывается существенно больше, чем у цистрона белка L10. В то же время, как уже говорилось, белок L10 репрессирует трансляцию обоих белков, как L10, так и L7/L12. Отсюда приходится допустить, что, как и в случае с S-цистроном MS2 РНК, инициация трансляции белка L7/L12 невозможна, если нет трансляции предшествующего цистрона; трансляция цистрона белка L10 открывает (делает доступным) инициаторный район цистрона белка L7/L12 для ассоциации со свободными рибосомами и, таким образом, для независимой инициации.

Особый интерес, конечно, представляет установление места посадки и действия соответствующих рибосомных белков-репрессоров на полицистроновых мРНК. С помощью использования делеционных мутантов, продуцирующих мРНК без того или иного участка, удалось показать, что, например, белок S4 не репрессирует трансляцию соответствующей полицистроновой мРНК (4-ая сверху на рис. 118), если отсутствуют начало структурного гена белка S13 и предшествующая ему нуклеотидная последовательность. Наоборот, белок S7 репрессирует свою собственную трансляцию, если отсутствует начало его полицистроновой мРНК (1-я сверху на рис. 118), включающее цистрон белка S12. Для белка L1 показано, что он оказывает репрессорное действие на свою бицистроновую мРНК (5-я сверху на рис. 118) только при наличии 5'-концевой последовательности, предшествующей цистрону белка L11. Отсюда следует, что, действительно, место посадки репрессорных белков следует искать в начале именно того цистрона, с которого начинается репрессия «последовательной трансляции» полицистроновой мРНК. Соответственно, для белка S7 это место должно быть где-то между цистронами белков S12 и S7 и/или в начале цистрона белка S7, для белка S4 — перед или в начале цистрона белка S13, а для белка L1 — перед цистроном белка L11. Продолжая эту логику, можно считать, что место репрессорного действия для белка L4 должно быть перед или в начале цистрона белка S10,

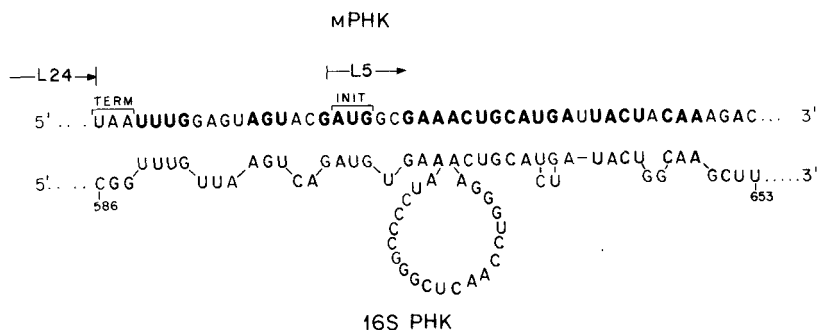


Рис. 119. Сравнение нуклеотидных последовательностей участка полицистронной мРНК, являющегося местом репрессорного действия белка S8 (вверху), и участка рибосомной 16S РНК, который узнается белком S8 при сборке рибосомы (внизу) (по данным Р. О. Olins, М. Nomura. *Nucleic Acids Res.*, 1981, v. 9, p. 1757–1764); идентичные последовательности на верхней цепи выделены жирным

для белка L10 — перед или в начале его собственного цистрона, в то время как для белка S8 — между цистронами белков L24 и L5 и/или в начале цистрона белка L5.

Про белки S4, S7, S8, L1 и L4 известно, что в структуре рибосом и их самосборке они играют важную роль, являясь «сердцевинными» (core) белками, довольно прочно связывающимися со специфическими местами своих рибосомных РНК. Место посадки этих белков на рибосомные РНК более или менее определено (см. гл. Б. IV). М. Номура с сотрудниками предположили, что эти рибосомные белки, выступая в роли репрессоров, связываются с мРНК тем же своим РНК-связывающим центром, который участвует в связывании с рибосомной РНК. В таком случае структуры участков, связывающих данный рибосомный белок, должны быть похожи в рибосомной РНК и в мРНК. Зная приблизительно место посадки репрессора на полицистронной мРНК, эти исследователи сравнили его первичную и предсказанную вторичную структуру с первичной и вторичной структурой белоксвязывающего участка рибосомной РНК. Результат оказался хотя и ожидаемым, но поразительным: структуры оказались похожи.

На рис. 119 приведено сопоставление первичных структур межцистронового участка L24–L5 и начала цистрона белка L5 как места действия репрессорного белка S8, с одной стороны (вверху), и участка рибосомной 16S РНК, связывающего белок S8 (внизу). Видна большая гомология, включая совпадение последовательностей 7 участков, от 3 до 7–9 остатков каждый. Еще большая гомология видна из сравнения предсказанных вторичных структур этих двух участков, узнаваемых белком S8 (рис. 120).

Гомология первичных и предсказанных вторичных структур хорошо видна также между последовательностью мРНК, включающей самый конец цистрона белка S12, 100-нуклеотидный межцистроновый промежуток и начало цистрона белка S7, и близкой к 3'-концу последовательностью рибосомной 16S РНК специфически связывающей белок S7.

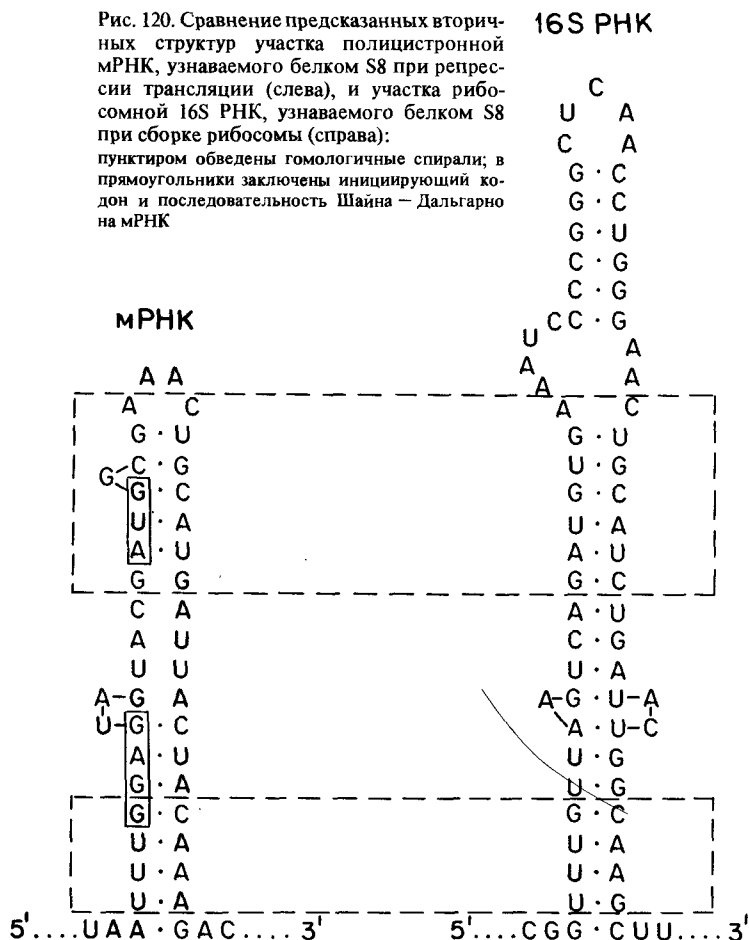
Такая же структурная гомология прослеживается между самым началом цистрона белка S13 и предшествующей ему 5'-проксимальной 50-нуклеотидной последовательностью в мРНК, с одной стороны, и S4-связывающим участком, с 490-го по 550-й нуклеотид, рибосомной 16S РНК — с другой. В самом цистроне белка S10 и примыкающем к нему 5'-проксимальном участке соответствующей полицистронной мРНК найдена нонануклеотидная и ряд менее длинных последовательностей, идентичных последовательностям L4-связывающего участка рибосомной 23S РНК и расположенных в том же порядке вдоль цепи.

Во всех вышеперечисленных случаях модель репрессорного действия соответствующего рибосомного белка аналогична таковой в случае репрессии S-цистрона белком оболочки фага (см. предыдущую главу): прединициирующий район мРНК и инициирующий кодон вовлечены в достаточно лабильную вторичную и третичную структуру, которая сама по себе не запрещает инициацию; но когда специфический белок-репрессор узнает эту структуру и присоединяется к ней, происходит ее стабилизация, приводящая к недоступности прединициирующей последовательности и инициирующего кодона для взаимодействия с рибосомой и инициаторной тРНК. Действительно, участки мРНК, структурно гомологичные белоксвязывающим участкам рибосомных РНК, включают в себя, как правило, прединициирующую последовательность и инициирующий кодон (рис. 120).

Однако механизм регуляции полицистронной мРНК, кодирующей белки L10 и L7/L12 (6-ая сверху на рис. 118), отличается, по-видимому, от предыдущих. Для этой мРНК прямыми экспериментами было показано, что белок L10, а еще лучше его комплекс с белком L7 / L12 (пентамерный комплекс $[L7/L12]_4 \cdot L10$, см. раздел Б. III.4), специфически связывается с участком 5'-концевой лидирующей последовательности, отстоящим по крайней мере на несколько десятков нуклеотидных остатков от инициирующего кодона первого цистрона, и это связывание репрессирует трансляцию. В пределах этого же участка лидирующей (некодирующей) последовательности мРНК найдена большая гомология с участком рибосомной 23S РНК, где предполагается место специфического связывания комплекса $L10 \cdot (L7 / L12)_4$. Таким образом, белок L10 или его комплекс с белком L7 / L12 узнают структуру мРНК, удаленную от инициирующего кодона, но их взаимодействие, тем не менее, блокирует инициацию трансляции. Оказалось, что инициацию блокируют также многие мутационные изменения нуклеотидов, а также делеции в этом удаленном участке лидирующей последовательности. Создается впечатление, что надлежащая вторичная и третичная структура данного участка лидирующей последовательности имеет позитивное значение для инициации трансляции этой мРНК и ее пертурбации, в том числе в результате присоединения белка L10 или его комплекса с белком L7 / L12, приводят к невозможности инициации трансляции.

Предположение, что рибосомный белок-репрессор использует один и тот же активный центр для связывания с рибосомной РНК при самосборке рибосомы и для связывания с мРНК при репрессии трансляции, нашло также подтверждение и в другой группе фактов. Оказалось, что рибосомная РНК, добавленная в систему трансляции, снимает репрес-

Рис. 120. Сравнение предсказанных вторичных структур участка полицистронной мРНК, узнаваемого белком S8 при репрессии трансляции (слева), и участка рибосомной 16S РНК, узнаваемого белком S8 при сборке рибосомы (справа): пунктиром обведены гомологичные спирали; в прямоугольники заключены иницирующий кодон и последовательность Шайна — Дальгарно на мРНК



сорный эффект соответствующего рибосомного белка. В опытах *in vitro* прямо показано, что репрессорное действие белка L1 на синтез белков L1 или L11 и ингибирование синтеза белков L10 и L7/L12 комплексом L10 · (L7/L12)₄ специфически предотвращается добавлением рибосомной 23S РНК, но не 16S РНК.

На основании вышеперечисленных фактов и наблюдений М. Номура с сотрудниками предложили очень изящную модель координированной регуляции синтеза всех рибосомных белков. Модель основана на идее о конкуренции между рибосомной РНК и мРНК за связывание с «сердцевинными» рибосомными белками. Такие белки, как S4, S7, S8, L1, L4, а также белковый комплекс L10 · (L7/L12)₄, имеют сильное сродство к специфическим местам прикрепления на рибосомных РНК, и поэтому по мере их синтеза они немедленно вовлекаются в процесс сборки рибосомных частиц, связываясь с 16S и 23S РНК соответственно. Собственное высокое сродство к рибосомной РНК и кооперативность сборки

рибосомных частиц с участием других рибосомных белков приводят к уводу всех появляющихся свободных рибосомных белков в процессе сборки на рибосомные РНК. В этих условиях мРНК оказываются не конкурентоспособными, не связывают рибосомные белки и могут нормально транслироваться. Однако когда рибосомных белков становится больше, чем доступной рибосомной РНК, появляется их избыток в свободном состоянии. Это приводит к связыванию соответствующих ключевых белков со своими мРНК, давая в результате ингибирование инициации и репрессию трансляции. Строго последовательная трансляция полицистронных мРНК, кодирующих ряд рибосомных белков, делает возможным существование только одного репрессорного белка и одного места его действия на каждую мРНК для координированной репрессии трансляции всего ряда кодируемых белков. Этот простой механизм обеспечивает прямую регуляторную связь между сборкой рибосом и синтезом рибосомных белков.

Рекомендуемая литература

- Итоги науки и техники. Сер. молекул. биол. — М.: ВИНТИ, 1982. Т. 17. С. 5—65.
- Шавиль Ф., Энни А.-Л. Биосинтез белка: Пер. с франц./Под ред. Л. Л. Киселева. — М.: Мир, 1977.
- The Genetic Code. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1966, v. 31, p. 39—49; 103—111; 289—295.
- The Mechanism of Protein Synthesis. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1969, v. 34, p. 261—312; 655—673.
- Bosch L., ed. The Mechanism of Protein Synthesis and Its Regulation. Amsterdam, London: North-Holland, 1972, p. 55—131.
- Chambliss G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 377—411; 445—495; 693—718.
- Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1977, v. 20, p. 209—284.
- Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 245—321.
- Clark B. F. C., Marcher K. A. The role of N-formylmethionyl-sRNA in protein biosynthesis. — J. Mol. Biol., 1966, v. 17, p. 394—406.
- Gralla J., Steitz J. A., Crothers D. M. Direct physical evidence for secondary structure in an isolated fragment of R17 bacteriophage mRNA. — Nature, 1974, v. 248, p. 204—208.
- Kastelein R. A., Remaut E., Fiers W., van Duin J. Lysis gene expression of RNA phage MS2 depends on a frameshift during translation of the overlapping coat protein gene. — Nature, 1982, v. 295, p. 35—41.
- Marcker K., Sanger F. N-formyl-methionyl-sRNA. — J. Mol. Biol., 1964, v. 8, p. 835—840.
- Nomura M., Yates J. L., Dean D., Post L. E. Feedback regulation of ribosomal protein gene expression in *Escherichia coli*: Structural homology of ribosomal RNA and ribosomal protein mRNA. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1980, v. 77, p. 7084—7088.
- Scherer G. F. E., Walkinshaw M. D., Arnott S., Morré D. J. The ribosome binding sites recognized by *E. coli* ribosomes have regions with signal character in both the leader and protein coding segments. — Nucleic Acids Res., 1980, v. 8, p. 3895—3907.
- Shine J., Dalgarno L. The 3'-terminal sequence of *Escherichia coli* 16S ribosomal RNA: Complementarity to nonsense triplets and ribosome binding sites. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1974, v. 71, p. 1342—1346.
- Steitz J. A. Discriminatory ribosome rebinding of isolated regions of protein synthesis initiation from the ribonucleic acid of bacteriophage R17. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1973, v. 70, p. 2605—2609.
- Weissman C., Billeter M. A., Goodman H. M. et al. Structure and function of phage RNA. — Ann. Rev. Biochem., 1973, v. 42, p. 303—328.
- Woo N. H., Roe B. A., Rich A. Three-dimensional structure of *Escherichia coli* initiator tRNA^{Met}. — Nature, 1980, v. 286, p. 346—351.

Глава VII

ИНИЦИАЦИЯ ТРАНСЛЯЦИИ И ЕЕ РЕГУЛЯЦИЯ У ЭУКАРИОТ

1. ОСОБЕННОСТИ ЭУКАРИОТИЧЕСКОЙ мРНК

В отличие от проэукариотической мРНК эукариотическая мРНК комплексирована с белками, образуя «мессенджер-рибонуклеопротеиды» (мРНП), или информсомы, метаболически стабильна (т. е. отсутствует постоянная интенсивная деградация и интенсивный ресинтез мРНК), моностронна и, как правило, имеет специфически модифицированный (кэпированный) 5'-конец. Все это обуславливает целый ряд особенностей инициации трансляции и ее регуляции у эукариот.

Прежде всего в эукариотических клетках более или менее значительная часть мРНК оказывается не вовлеченной в данный момент в трансляцию, будучи представлена так называемыми свободными цитоплазматическими мРНП (свободными информосомами). Эти свободные **нетранслируемые** частицы, как правило, имеют соотношение масс белок: РНК около 3:1 и, соответственно, относительно низкую плавучую плотность в CsCl — около 1,4 г/см³ (в то время как рибосома — около 1,55–1,59 г/см³). Они характеризуются специфическим набором белков, функция и роль которых пока совершенно не ясна. Предполагают, что по крайней мере некоторые из этих белков могут играть роль репрессоров трансляции, препятствующих присоединению рибосом и инициации трансляции. Однако ни в одном случае до настоящего времени существование таких репрессорных белков прямо показано не было. Репрессорную функцию приписывают также некоторым цитоплазматическим низкомолекулярным РНК, находимым в комплексе со свободными мРНП.

Как бы то ни было, мРНК у эукариот может довольно длительное время быть в нетранслируемой, запасной или маскированной форме. Ярким примером является запасная мРНК неоплодотворенных яйцеклеток животных или семян растений. Оплодотворение ооцитов, а также прорастание семян вызывает как общую, так и специфическую активацию трансляции предсуществующих мРНК. В процессах развития эукариотических организмов и клеточной дифференцировки синтез мРНК и ее накопление в цитоплазме (возможно, в форме мРНП) может происходить заранее, задолго до момента начала ее трансляции. Так, делящиеся миобласты характеризуются синтезом и накоплением нетранслируемой миозиновой мРНК в форме мРНП, и лишь последующее слияние клеток и переход к дифференцированному состоянию миотрубок индуцирует трансляцию накопленной миозиновой мРНК. Трансляция предсинтезированных мРНК индуцируется какими-то механизмами, природа которых не известна. Во всяком случае, переход мРНК в транслируемую форму сопровождается сменой многих белков, комплексированных с ней. (Дело в том, что из эукариотических полирибосом мРНК также выделяет-

ся в форме мРНК, но их белковый состав сильно отличается от такового свободных мРНК.)

Естественно, что метаболическая стабильность (долгоживучесть) эукариотической мРНК делает регуляцию на уровне трансляции особенно важной в общей картине регуляции биосинтеза белка. В частности, кроме сигналов для активации матриц, т. е. для инициации их трансляции, становятся важными и необходимыми также сигналы для инактивации матриц, т. е. для прекращения их трансляции. Здесь можно указать на гормональную регуляцию трансляции как на яркий пример включения и выключения трансляции определенных мРНК. Например, показано, что инъекция женского полового гормона (эстрогена) цыплятам индуцирует цитодифференцировку яйцеводов, синтез мРНК яичного альбумина и синтез этого белка. После прекращения инъекций синтез мРНК и синтез альбумина прекращаются, но можно показать, что предсинтезированная альбуминовая мРНК частично сохраняется в цитоплазме в нетранслируемой или слабо транслируемой форме. Повторная инъекция гормона (эстрогена или прогестерона) немедленно реактивирует ее трансляцию, стимулируя инициацию.

При дифференцировке хрусталика глаза куриного эмбриона синтез δ -кристаллина падает к определенному периоду; однако было показано, что количество δ -кристаллиновой мРНК в клетках сохраняется приблизительно на прежнем уровне.

При тепловом шоке начинается выработка нескольких специальных белков и прекращается трансляция большей части старой клеточной мРНК без ее разрушения; восстановление клеток сопровождается реактивацией трансляции тотальной мРНК. В случае ооцитов лягушки (*Xenopus laevis*) было показано, что реакция на тепловой шок и восстановление от него контролируются целиком на уровне трансляции; мРНК белков теплового шока синтезируется заранее, в процессе оогенеза, и запасается в ооцитах в нетранслируемой форме; она может обратимо активироваться и вовлекаться в трансляцию при повышенной температуре. Опять-таки во всех этих случаях молекулярные механизмы маскирования и демаскирования не известны.

Существует мнение, что необходимость более развитой регуляции на уровне трансляции у эукариот, по сравнению с прокариотами, привела к эволюционной выработке более сложного механизма инициации, с участием гораздо большего количества белков. Вместо комплементарного РНК-РНК узнавания, в которое вовлечена прединицирующая последовательность Шайна—Дальгарно прокариотических мРНК (а 5'-конец матрицы не нужен), эукариотические мРНК узнаются эукариотическими рибосомами по экзпированному 5'-концу с обязательным участием специального экзспязывающего белка. Не исключено, что это дает больше возможностей для регуляции инициации. Можно думать, что эукариотические мРНК должны быть моноцистронными в связи с тем фактом, что 5'-конец матричного полинуклеотида у эукариот оказывается необходимым для связывания определенных белков и инициации трансляции. Узнавание внутренних цистронов полицистронных мРНК («внутренняя инициация») эукариотическими рибосомами, как правило, невозможно.

2. ИНИЦИИРУЮЩИЙ КОДОН, ИНИЦИАТОРНАЯ тРНК И БЕЛКОВЫЕ ФАКТОРЫ ИНИЦИИИ

Иницирующий кодон. AUG — единственный иницирующий кодон природных эукариотических мРНК. В подавляющем большинстве случаев им служит первый триплет AUG от 5'-конца матричного полинуклеотида, хотя это не абсолютное правило для всех мРНК.

Инициаторная тРНК. В качестве инициаторной тРНК, узнающей кодон AUG, в эукариотах, как и в прокариотах, служит специальная тРНК_F, ацилируемая метионил-тРНК-синтетазой. Однако образующаяся метионил-тРНК_F в эукариотических клетках, в отличие от проэукариотической инициаторной тРНК, не формилируется. Следовательно, единственным отличием инициаторной метионил-тРНК_F от обычной метионил-тРНК^{Met} являются некоторые особенности структуры самого тРНК_F-остатка, которые делают ее способной взаимодействовать с факторами инициации и вакантной рибосомной субчастицей и не способной участвовать в элонгации. Первичные и вторичные структуры (в форме клеверного листа) этих двух эукариотических тРНК даны на рис. 121. Видно, что различия невелики. Наиболее постоянной чертой инициаторных тРНК эукариот является последовательность GAUC (или GAψC у высших растений и иглокожих) вместо универсальной последовательности GTψC в элонгаторных тРНК в положениях 51–54. В инициаторных тРНК большинства эукариотических объектов лигидро-

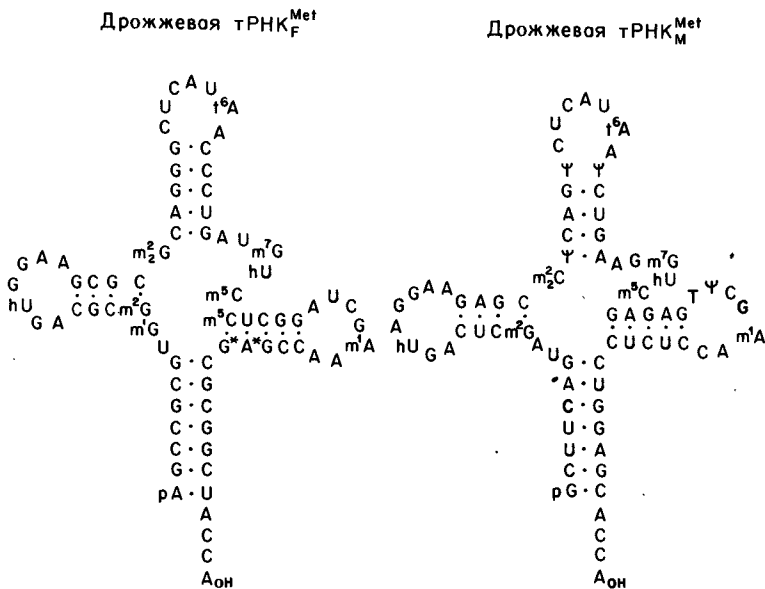


Рис. 121. Нуклеотидная последовательность и схема вторичной структуры эукариотической инициаторной тРНК (тРНК^{Met}, слева) в сравнении с эукариотической метиониновой тРНК, участвующей в элонгации (тРНК^{Met}_M, справа) (по M. Simsek, U. Z. Raj Bhandary *Biochem. Biophys. Res Commun.*, 1972, v. 49, p. 508–515; H. Gruhl, H. Feldman *FEBS Lett.*, 1975, v. 57, p. 145–148)

уридиловая петля не содержит дигидроуридина. В отличие от инициаторных тРНК прокариот (и митохондрий) 5'-концевой нуклеозид эукариотических инициаторных тРНК спарен с нуклеозидом 3'-концевого участка, как и в элонгаторных тРНК. Неизвестно, какие структурные особенности определяют функциональную специфику эукариотической инициаторной тРНК.

Факторы инициации. Насчитывается около десятка белковых факторов, необходимых для инициации трансляции эукариотических мРНК эукариотическими рибосомами и обозначаемых как eIF-1, eIF-2, eIF-3, eIF-4A, eIF-4B, eIF-4C, eIF-4D, eIF-4E, eIF-4F, eIF-5 и т. д. (буква «е» означает «эукариотический»; IF — фактор инициации). Список факторов инициации и их некоторые физические и функциональные свойства даны в табл. 2. Строго говоря, почти все вышеперечисленные факторы инициации выделены в более или менее индивидуальном состоянии и охарактеризованы для случая трансляции глобиновой

Таблица 2. Эукариотические факторы инициации и их некоторые физические и функциональные свойства

Обозначения	Синонимы	Мол. масса, $M_r \times 10^{-3}$	Субъединицы и их мол. масса, $M_r \times 10^{-3}$	Сродство к 40S субчастицам	Сродство к мРНК	Стимуляция связывания Met-tRNA 40S субчастицами	Стимуляция связывания мРНК 40S субчастицами
eIF-1	анти-HCl, eRF, ESP, GEF, RF, SRF	12	32 (α), 35 (β), 55 (γ)	$\pm$	+	+	+
eIF-2		120		+	+	++	+
eIF-2A		65		+	?	+	-
eIF-2B		≈ 300	30, 40, 55, 65, 80	-	?	+	-
eIF-3		≈ 600	около 10 субъединиц от 30 до 150	++	+	+	+
eIF-4A		50	-	-	-	-	+
eIF-4B		80	-	-	+	-	+
eIF-4C		17	-	+	+	+	+
eIF-4D		16	-	-	-	-	-
eIF-4E		24	-	-	+	-	+
eIF-4F	CBP-I						
(включает eIF-4A, eIF-4E и белок с $M_r = 220000$)		300	24, 50, 220	-	+	-	+
eIF-5		160	-	-	+	-	-
eIF-6	CBP-II	25	-	-	?	-	-

мРНК в ретикулоцитной белоксинтезирующей системе, в то время как для других эукариотических систем существуют более фрагментарные сведения, касающиеся в основном таких главных факторов инициации, как eIF-2, eIF-3 и eIF-5.

eIF-2, eIF-3 и eIF-5 строго необходимы для инициации, в то время как eIF-1, eIF-2B, eIF-4A, eIF-4B, eIF-4C, eIF-4E и eIF-4F оказывают большее или меньшее стимулирующее действие. Роль и вклад eIF-2A и eIF-4D в инициацию вообще не ясна, и имеются сомнения, являются ли они действительно необходимыми факторами инициации. В экспериментах *in vitro* белок eIF-2A стимулирует связывание инициаторной тРНК с 40S субчастицей в отсутствие ГТФ; белок eIF-4D стимулирует реакцию инициаторной метионил-тРНК с пуромицином в составе конечного инициаторного 80S-комплекса.

Все факторы инициации, кроме eIF-4A и eIF-4D, по-видимому, РНК-связывающие белки в том смысле, что имеют неспецифическое сродство к любой высокомолекулярной РНК и способны образовывать с ней более или менее стабильные комплексы.

eIF-2 представляет собой субъединичный белок, взаимодействующий с ГТФ и Met-tRNA_F; функционально он аналогичен прокариотическому IF-2. eIF-2, однако состоит из трех различных субъединиц, с молекулярными массами около 32000 (α), 35000 (β) и 55000 (γ) дальтон. (Следует помнить, что при оценке молекулярной массы β -субъединицы методом гельэлектрофореза в присутствии додецилсульфата натрия получается значение около 50000 дальтон, что является следствием ее аномального поведения, по-видимому, из-за высокого содержания основных аминокислот.)

eIF-3 — еще более крупный и сложный субъединичный белок. Он имеет молекулярную массу не менее $0,5 \cdot 10^6$ дальтон, коэффициент седиментации около 15S и состоит приблизительно из десятка субъединиц с молекулярными массами от 30000 до 150000 дальтон. eIF-3 имеет высокое сродство к рибосомной 40S субчастице и часто рассматривается как функциональный аналог прокариотического IF-3; однако ряд данных показывает, что функции этого белкового комплекса гораздо сложнее, и, в частности, есть указания на его возможную тканеспецифичность и роль в избирательном узнавании (дискриминации) мРНК.

eIF-5 — тоже относительно крупный белок, но состоящий из одной полипептидной цепи с молекулярной массой около 160000 дальтон. Прокариотические системы не имеют, по-видимому, аналога eIF-5. Этот фактор абсолютно необходим для присоединения рибосомной 60S субчастицы к инициаторному 40S комплексу с сопутствующим расщеплением ГТФ на ГДФ и ортофосфат. Другими словами, он промотирует образование 80S частиц на завершающей стадии инициации.

Почти все остальные факторы инициации — eIF-1, eIF-4A, eIF-4B, eIF-4C, eIF-4D и eIF-4E — состоят каждый из одной полипептидной цепи. eIF-1, eIF-4C и eIF-4D — маленькие белки с молекулярными массами между 15000 и 20000 дальтон; первые два оказывают стимулирующее действие на стадии связывания мРНК. eIF-4A и eIF-4B — более крупные белки с молекулярными массами около 50000 дальтон и около 80000 даль-

тон соответственно; их участие в связывании мРНК с рибосомной 40S субчастицей более необходимо.

Важным белком является eIF-4E, чаще называемый кэпсвязывающим белком (СВР-I), с молекулярной массой 24000 дальтон. Специфически связываясь с модифицированным (кэпированным) 5'-концом мРНК, он стимулирует ассоциацию рибосомных частиц с матрицей и инициацию трансляции. Имеются указания, однако, что этот белок существует и функционирует в норме в составе большого кэпсвязывающего мультибелкового 8–10S комплекса, обозначаемого как СВР-II или eIF-4F; комплекс включает в себя также eIF-4A и субъединицу (один полипептид) с молекулярной массой 220000 дальтон. Комплекс СВР-II (eIF-4F) функционирует совместно со свободными eIF-4A и eIF-4B.

В отличие от прокариотических систем стадия связывания мРНК в процессе инициации у эукариот включает распад АТФ до АДФ и ортофосфата. Гидролиз АТФ сопряжен с участием СВР-II (eIF-4F), eIF-4A и eIF-4B в связывании мРНК. Возможно, что кэпсвязывающие белки осуществляют АТФ-зависимое расплетание или дестабилизацию вторичной структуры 5'-концевого участка эукариотической мРНК, тем самым способствуя ассоциации этого участка с рибосомными частицами.

Крупный белок eIF-2B, построенный из 5 различных субъединиц, имеет вспомогательное значение. Он образует комплекс с eIF-2, в котором сродство eIF-2 к ГДФ уменьшено, а к ГТФ увеличено, в результате чего обеспечивается эффективный обмен связанного ГДФ на свободный ГТФ. (Иначе, при физиологических концентрациях ГДФ и ГТФ более 90% молекул eIF-2 было бы связано с ГДФ, существуя, таким образом, в неактивном состоянии.) Образующийся комплекс eIF-2B · eIF-2 · GTP непосредственно связывает инициаторную метионил-тРНК, и затем комплекс Met-tRNA_F · eIF-2 · GTP переносится от eIF-2B на иницирующую 40S рибосомную частицу. Таким образом, eIF-2B катализирует повторное использование eIF-2 после его освобождения (в форме eIF-2 · GDP) из рибосом, заканчивающих инициацию (см. рис. 124).

В целом картина с белковыми факторами, участвующими в инициации трансляции у эукариот, получается сложной.

3. СОСТОЯНИЕ РИБОСОМЫ ПЕРЕД ИНИЦИАЦИЕЙ

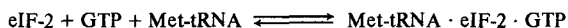
Как и в случае прокариот, терминировавшие (нетранслирующие) рибосомы перед инициацией трансляции должны перейти в диссоциированное состояние. Однако эукариотические 80S рибосомы довольно стабильны, и надо полагать, что их окончательная диссоциация на субчастицы после терминации трансляции достигается только в результате действия белковых факторов. Во всяком случае, в цитоплазматических экстрактах эукариотических клеток существуют так называемые «нативные» 40S и 60S субчастицы, отличающиеся от «производных» 40S и 60S субчастиц, получаемых из 80S рибосом путем диссоциации понижением концентрации Mg^{2+} . «Нативные» субчастицы не способны ассоциировать в 80S рибосомы при умеренных концентрациях Mg^{2+} ; в противоположность «производным» субчастицам. «Нативные» субчастицы, и

особенно 40S субчастицы, имеют существенно большее содержание белка, чем «производные» субчастицы; соответственно, если плавучая плотность в CsCl у «производной» 40S субчастицы равна около 1,52–1,55 г/см³, то у «нативной» 40S субчастицы она составляет около 1,49 г/см³ и может приближаться даже к 1,40 г/см³. В составе «нативных» 40S субчастиц находят ряд факторов инициации в связанном виде в варьирующих количествах (именно «нативные» субчастицы и являются источником для получения факторов инициации при их препаративном получении). Все «нативные» 40S частицы обязательно содержат eIF-3 в эквимольном количестве. «Нативные» 60S субчастицы могут иметь, по-видимому, связанные факторы элонгации.

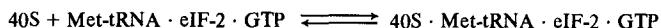
Итак, в цитоплазме эукариотических клеток и в их экстрактах всегда имеется больший или меньший фонд свободных неассоциируемых («нативных») 40S и 60S субчастиц, связанных с факторами инициации и, возможно, также с рядом других белков. Именно «нативные» 40S субчастицы, несущие на себе eIF-3 и некоторые другие факторы инициации, начинают процесс инициации трансляции.

4. ОБРАЗОВАНИЕ КОМПЛЕКСА РИБОСОМНОЙ 40S СУБЧАСТИЦЫ С ИНИЦИАТОРНОЙ tРНК

В присутствии ГТФ eIF-2 специфически узнает инициаторную метионил-tРНК и образует с ней тройственный комплекс:



Тройственный комплекс имеет сильное сродство к «нативной» 40S субчастице. В результате образуется инициаторный 43S комплекс:



Уже указывалось, что eIF-2В, взаимодействуя с eIF-2, стимулирует образование тройственного комплекса Met-tRNA_F · eIF-2 · GTP и его вступление в инициаторный 43S комплекс (см. рис. 124).

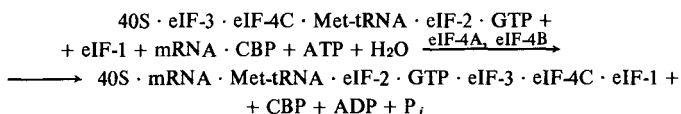
Присутствие других факторов инициации на 40S субчастице, и особенно eIF-3, а также eIF-4С и, возможно, eIF-1, стабилизирует инициаторный 43S комплекс. Для образования комплекса ГТФ может быть заменен на его нерасщепляемый аналог.

Таким образом, в эукариотических системах связывание малой рибосомной субчастицы с инициаторной tРНК, по-видимому, предшествует ассоциации с мРНК, являясь первым этапом инициации трансляции.

5. АССОЦИАЦИЯ РИБОСОМНОЙ 40S СУБЧАСТИЦЫ С мРНК

Комплекс нативной 40S субчастицы с инициаторной метионил-tРНК (включающий некоторые факторы инициации и ГТФ) вступает в ассоциацию с мРНК. На этом этапе абсолютно необходимым оказывается eIF-3. Механизм его действия не ясен. Предполагается, что он, будучи связанным с «нативной» 40S субчастицей, участвует в формировании центра; узнающего мРНК. Ему приписывают также функции белка, способствующего расплетанию вторичной структуры матричного полинуклеотида в

процессе инициации. Имеются указания на роль eIF-3 в дискриминации различных мРНК. Наличие eIF-2 на 40S субчастице также сильно способствует связыванию и, возможно, дискриминации мРНК, тем более что этот белок обладает сильной РНК-связывающей способностью. В ассоциации 40S субчастицы с мРНК принимают участие также eIF-1, eIF-4A, eIF-4B, eIF-4C и кэпсвязывающие белки (eIF-4E, eIF-4F), и происходит гидролиз АТФ до АДФ и ортофосфата. В результате образуется так называемый инициаторный 48S комплекс:



В большинстве случаев важным условием для начальной ассоциации с мРНК является наличие кэп-структуры на 5'-конце (см. рис. 5) и комплексированного с ним кэпсвязывающего белка или белков (СВР). Действительно, все клеточные эукариотические мРНК имеют кэп, и удаление его резко понижает эффективность трансляции мРНК. Показано, что кэп-структура вместе с кэпсвязывающими белками увеличивают сродство мРНК к рибосомным частицам. Добавление химических аналогов кэп-структуры, таких, как m⁷GMP, m⁷GDP или m⁷GpppN^m (где N — любой нуклеотид), ингибирует связывание рибосом с кэппированными мРНК и, соответственно, их трансляцию в бесклеточных системах. Антитела против кэпсвязывающего белка точно так же ингибируют связывание рибосом и инициацию трансляции кэппированных мРНК. Интересно, что прокариотические (некэппированные) мРНК могут в ряде случаев транслироваться эукариотическими рибосомами, но со сравнительно низкой эффективностью; присоединение кэп-структуры к их 5'-концу делает их высокоэффективными матрицами в эукариотических бесклеточных системах:

Следует указать, однако, что РНК некоторых животных и растительных вирусов не имеют кэп-структуры на 5'-конце, но тем не менее являются эффективными матрицами в эукариотических системах. Это относится, например, к РНК пикорнавирусов, такого, как вирус энцефаломиокардита, к РНК сателлитного вируса некроза табака и т. п. Кэпсвязывающие белки не участвуют в их ассоциации с рибосомами. Предполагается, что в этих исключительных случаях 5'-конец мРНК имеет особую (может быть, развернутую) структуру, обеспечивающую ему высокое сродство к 40S субчастице с факторами инициации в отсутствие кэп-структуры и кэпсвязывающих белков.

Как уже отмечалось, одной из функций, приписываемых кэп-структуре, является связывание кэпсвязывающих белков, обеспечивающих необходимую дестабилизацию или перестройку собственной 5'-концевой вторичной и/или третичной структуры мРНК. Предполагается, что расплетающий эффект кэпсвязывающего белкового комплекса зависит от АТФ, и что гидролиз АТФ требуется для такого расплетания. Возможно, что лишь специально подготовленная (например, «расплавленная») пространственная структура 5'-концевого участка мРНК может достаточно эффективно участвовать в ассоциации с эукариотической рибо-

сомной частицей. Действительно, ряд наблюдений указывает на то, что чем менее структурирован 5'-концевой участок мРНК, тем меньше его ассоциация с рибосомами зависит от наличия кэпа.

На моноцистронный характер большинства эукариотических мРНК и неспособность эукариотических рибосом осуществлять «внутреннюю инициацию» было указано еще М. Джекобсоном и Д. Балтимором в 1968 г. Позднее необходимость 5'-конца мРНК для инициации трансляции в эукариотических системах была продемонстрирована в очень изящных опытах М. Козак (США): если матричный полинуклеотид, способный транслироваться как эукариотическими, так и прокариотическими рибосомами, был замкнут в кольцо (путем соединения 5'-конца с 3'-концом РНК-лигазой), то тогда только прокариотические рибосомы могли транслировать его, в то время как эукариотические рибосомы полностью теряли способность иницировать трансляцию на такой циркулярной матрице. Разрыв кольца перед иницирующим кодоном AUG восстанавливал способность эукариотических рибосом транслировать этот полинуклеотид. Точно так же в экспериментах М. Розенберга и Б. Патерсона (США) было показано, что если прокариотическая полицистронная мРНК снабжена 5'-концевой кэп-структурой, чтобы разрешить ее эффективную трансляцию эукариотическими рибосомами, то трансляция ограничена лишь 5'-проксимальным цистроном. Эукариотические рибосомы действительно оказываются, как правило, не способными иницировать на внутренних участках матричного полинуклеотида (в противоположность прокариотическим рибосомам).

Анализ первичных структур рибосомных РНК и мРНК эукариот показал, что здесь отсутствует столь хорошо просматриваемая у прокариот комплементарность 3'-конца РНК малой рибосомной субчастицы с прединицирующей полипуриновой последовательностью прокариотических мРНК и их отдельных цистронов. Поразительно, что 3'-концевые 50-нуклеотидные последовательности рибосомных РНК малых субчастиц (16S РНК прокариот и 18S РНК эукариот) консервативны в эволюции и очень гомологичны, давая похожую шпильку вторичной структуры, но именно полипиримидиновый блок CCUCC прокариотической 16S РНК отсутствует в эукариотической 18S РНК (рис. 122). Этот факт наводит на мысль, что по каким-то важным причинам эукариоты вынуждены были отказаться от использования первичного комплементарного узнавания между рибосомной РНК и мРНК в ассоциации рибосом с матрицей и выработать другой путь для узнавания иницирующей последовательности. Этот путь состоит, по-видимому, в первичном узнавании 5'-конца. (Конечно, можно думать и наоборот: узнавание 5'-конца является более ранним, и эволюция прокариотических организмов, особенно развитие оперонов и полицистронных матриц, привели к специальному механизму узнавания внутренних иницирующих районов; таким механизмом служит спаривание полипуриновой последовательности Шайна — Дальгарно с эволюционно приобретенной вставкой CCUCC у самого 3'-конца рибосомной РНК.) В то же время в процессе инициации какое-то комплементарное взаимодействие между последовательностями у 5'-конца кэпированной мРНК и 3'-конца 18S РНК, видимо, имеет место; однако это спаривание строго зависит от присутствия факторов инициации.

16S РНК *E. coli*:

18S РНК крысы:

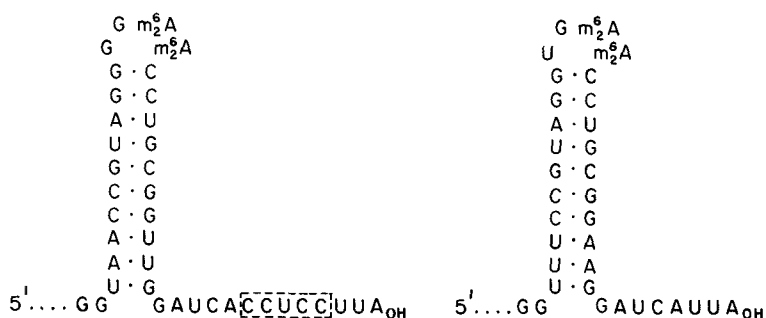


Рис. 122. Сравнение нуклеотидных последовательностей и вторичной структуры 3'-концевого участка прокариотической 16S и эукариотической 18S рибосомных РНК:

полипиримидиновая пентануклеотидная вставка прокариотической РНК обведена пунктиром

6. УЗНАВАНИЕ ИНИЦИИРУЮЩЕГО КОДОНА

Ассоциация рибосомной частицы с мРНК и узнавание иницирующего кодона у эукариот четко разграничены в пространстве и времени. Ассоциация 40S субчастицы с мРНК происходит на 5'-конце матричного полинуклеотида. В то же время в большинстве случаев иницирующий кодон удален от 5'-конца на несколько десятков нуклеотидов, а в некоторых редких случаях — даже на сотни нуклеотидов.

С другой стороны, характерной чертой подавляющего большинства эукариотических мРНК является то, что иницирующим кодоном служит первый AUG триплет от 5'-конца. На основании этих и ряда других фактов М. Козак выдвинула интересную гипотезу о механизме поиска рибосомной 40S субчастицей иницирующего района мРНК. Согласно гипотезе, «нативная» 40S субчастица с факторами инициации и инициаторной метионил-тРНК, взаимодействуя с экспонированным 5'-концом мРНК (очевидно, при участии экспривязывающего белка), ассоциирует с ним (при этом экспривязывающий белок диссоциирует). Далее эта 40S субчастица движется вдоль мРНК, сканируя ее последовательность (и при этом потребляя АТФ), пока не наткнется на триплет AUG, узнаваемый антикодоном связанной инициаторной тРНК. Здесь она останавливается, вслед за чем происходит следующий этап инициации — присоединение 60S субчастицы.

Следует отметить, однако, что не всегда первый триплет AUG от 5'-конца является истинным иницирующим кодоном. По-видимому, сканирующая 40S субчастица с инициаторной тРНК может пропускать некоторые AUG триплеты, если они оказываются не в соответствующем структурном окружении. Так, почти все функциональные иницирующие AUG кодоны эукариотических мРНК имеют непосредственно перед собой триплет, начинающийся с пуринового (чаще всего с А) нуклеотидного остатка. Предполагается, что при сканировании матрицы,

начиная с 5'-конца, 40S частицы с инициаторной тРНК предпочтительно узнают именно такую структуру $\overset{\text{A}}{\text{G}}\text{NNAUG}$ (где N — любой нуклеотид) как «правильное» место инициации; AUG триплеты с предшествующим $\overset{\text{C}}{\text{U}}\text{NN}$ триплетом являются, видимо, очень «слабыми» инициаторами и, как правило, проскакиваются рибосомной частью без инициации. Кроме того, в окружении функциональных иницирующих кодонов наиболее предпочтительным непосредственным соседом с 3'-стороны является G, а примыкающая пентануклеотидная последовательность с 5'-стороны обычно богата C (CCACCAUGG).

В некоторых редких случаях инициация трансляции может происходить на AUG триплете, отстоящем довольно далеко от 5'-конца. Например, в мРНК эпидермального фактора роста мышей иницирующий кодон отнесен от 5'-конца на 350 нуклеотидных остатков, но и в этом случае он — первый AUG триплет от конца. Имеются также другие редкие примеры, где в нетранслируемых 5'-концевых последовательностях встречаются AUG триплеты, проскакиваемые рибосомами без инициации; очевидно, они не могут служить инициаторами из-за отсутствия подходящего структурного окружения. Иногда на сравнительно небольшом расстоянии вслед за AUG триплетом следует терминирующий кодон, который, по-видимому, предотвращает его использование в качестве инициатора синтеза длинного полипептида. Однако в случаях некоторых вирусиндуцированных мРНК может наблюдаться такое явление, когда первый AUG триплет узнается как иницирующий лишь частью рибосом («слабый инициатор»), в то время как остальная часть сканирующих рибосом его проскакивает без инициации и иницирует на следующем AUG; тогда мРНК оказывается **функционально двуцистронной**, так как на ней начинается и происходит синтез двух разных полипептидов, кодируемых перекрываемой нуклеотидной последовательностью.

Известно, что многие РНК животных и растительных вирусов представляют собой исключение из правила моноцистронности эукариотических мРНК. В случаях полицистронных РНК растительных и ряда животных вирусов эукариотические рибосомы могут иницировать трансляцию лишь первого цистрона, а последующие цистроны читаются после специфической фрагментации РНК, открывающей новые 5'-концы. В других случаях, например РНК вируса полиомиелита, цистроны транслируются непрерывно в виде единой полипептидной цепи-предшественника («полибелка»), которая затем нарезается на функционально активные цепи вирусных белков.

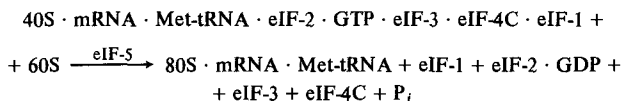
Следует специально указать на случаи, когда инициация происходит особенно далеко от 5'-конца цепи мРНК. Так, иницирующий кодон AUG полиовирусной РНК расположен на расстоянии 743 нуклеотида от 5'-конца, и ему предшествуют восемь AUG триплетов во всех трех фазах считывания! Эти предшествующие AUG триплеты, однако, находятся не в подходящем структурном окружении (см. выше), а кроме того, вслед за большинством из них на небольших расстояниях имеются терминирующие триплеты, прерывающие трансляцию, если бы она была на них иницирована. Таким образом, даже в рассматриваемом случае

принципиально возможно сканирование всей цепи РНК с 5'-конца, чтобы найти «внутренний» иницирующий AUG кодон.

Однако пока нет достаточных оснований исключать возможность того, что эукариотические рибосомы в каких-то особых случаях могут осуществлять и непосредственную «внутреннюю» инициацию, т. е. узнавать надлежащий иницирующий AUG кодон без сканирования всей длинной предшествующей последовательности.

7. ОБРАЗОВАНИЕ ИНИЦИИРУЮЩЕГО РИБОСОМНОГО 80S КОМПЛЕКСА

После нахождения 40S субчастицей с инициаторной тРНК иницирующего кодона она присоединяет свободную «нативную» 60S субчастицу, давая в результате образование 80S рибосомы, где инициаторная метионил-тРНК находится в Р-участке, а А-участок вакантен. Эта заключительная стадия инициации, в противоположность прокариотическим рибосомам, обязательно требует участия специального крупного белка — eIF-5. Присоединение 60S субчастицы, промотируемое eIF-5, сопровождается гидролизом ГТФ, связанного с eIF-2, освобождением eIF-2 с ГДФ, а также уходом eIF-3 и других факторов инициации:



Если в инициаторном 48S комплексе присутствовал нерасщепляемый аналог ГТФ, то eIF-5-промотируемое присоединение 60S субчастицы ингибируется. Возможно, что eIF-5 индуцирует гидролиз ГТФ непосредственно на 40S субчастице, а также общую дестабилизацию 48S инициаторного комплекса, в результате чего eIF-2 с ГДФ, eIF-3 и другие факторы инициации уходят, а 40S субчастица остается только с мРНК и метионил-тРНК, будучи в таком виде способна ассоциировать с 60S субчастицей. Во всяком случае показано, что если 48S инициаторный комплекс освобожден от eIF-2 и eIF-3, то он спонтанно, без eIF-5, присоединяет 60S субчастицу. Имеются некоторые указания на участие eIF-4C и eIF-4D в правильной ассоциации субчастиц и образовании окончательного 80S инициаторного комплекса с метионил-тРНК в Р-участке.

Общая схема последовательности событий в инициации трансляции у эукариот изображена на рис. 123.

8. РЕГУЛЯЦИЯ ИНИЦИАЦИИ

Несмотря на предполагаемую особую значимость регуляции на уровне трансляции и, казалось бы, развитость системы такой регуляции у эукариот, прямых фактических данных и конкретных разработанных примеров механизмов трансляционной регуляции до сих пор удивительно мало. Механизмы маскирования и демаскирования мРНК при ее запасаении в покоящихся клетках и активации при пробуждении соответственно, а также включения и выключения трансляции определенных

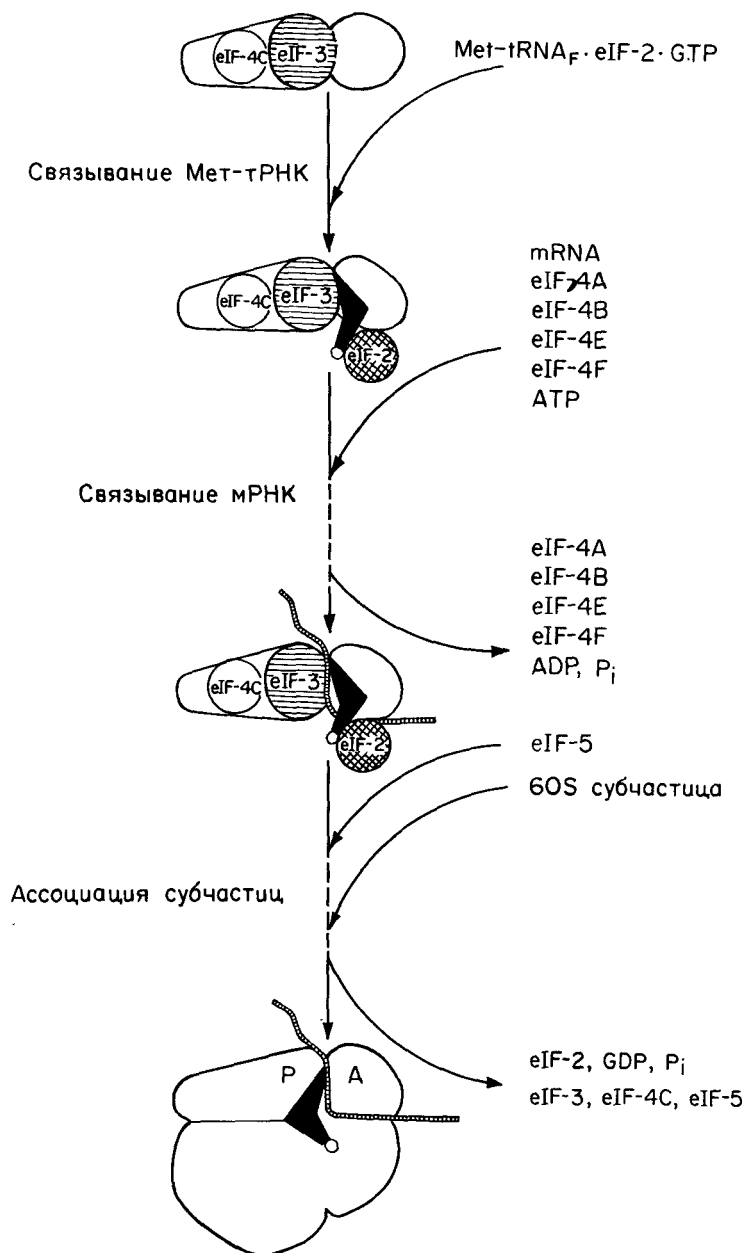


Рис. 123. Схема последовательности событий в процессе инициации трансляции у эукариотических организмов.

предсинтезированных мРНК в процессах клеточной дифференцировки совершенно не известны. Уже говорилось, что совершенно не ясна роль многочисленных белков, связанных с нетранслируемыми и транслируемыми мРНК в мРНК всех видов. Те сведения, которые имеются, не могут рассматриваться иначе, как фрагментарные и касающиеся лишь частных общей регуляторной системы трансляционного аппарата эукариотической клетки.

Имеющиеся сведения сводятся в основном к двум группам фактов. Во-первых, известно много случаев, когда имеет место **избирательная дискриминация** мРНК как результат разной эффективности («силы») инициации благодаря каким-то (неизвестным) чертам структуры 5'-концевого и иницирующего района матриц. Сюда относятся, по-видимому, также случаи подавления трансляции хозяйских мРНК при одновременной высокоэффективной трансляции вирусных РНК в вирусинфицированных эукариотических клетках. Во-вторых, четко продемонстрирована возможность **тотальной регуляции** (подавления) синтеза белка в клетке за счет модификации ключевого фактора инициации — eIF-2.

Избирательная дискриминация мРНК

Идеальным объектом для изучения регуляции на уровне трансляции являются ретикулоциты млекопитающих или бесклеточные системы, приготовленные из них. Здесь отсутствует клеточное ядро и не примешиваются никакие влияния транскрипции. Кроме того, в таких системах синтезируется главным образом один белок — гемоглобин. Для его образования требуются эквимоларные количества α - и β -цепей глобина. Две соответствующие мРНК присутствуют в цитоплазме или в экстракте и эффективно транслируются рибосомами. Скорость элонгации в полирибосомах на обеих мРНК, как показано, одинакова и составляет около 5—10 аминокислотных остатков в секунду при 37°C (или в 10 раз меньше при 20°C). Однако полирибосомы, синтезирующие β -цепи, содержат больше рибосом, чем те, что делают α -цепи, при приблизительно одинаковой длине обеих мРНК. Отсюда следует, что инициация на мРНК, кодирующей β -цепь, идет более эффективно, чем на мРНК для α -цепи, т. е. мРНК β -цепи «сильнее» в инициации трансляции. Чтобы скомпенсировать это и продуцировать эквимоларные количества α - и β -цепей, клетка содержит соответственно большее количество мРНК для α -цепи, чем мРНК для β -цепи. Основанием для большей эффективности инициации на одной мРНК, по сравнению с инициацией на другой, могут быть какие-то структурные особенности 5'-концевой последовательности, определяющие ее большее сродство к факторам инициации (а также, может быть, к самим рибосомным 40S частицам).

Другой пример дискриминации между двумя мРНК — это разные скорости инициации трансляции овальбуминовой и кональбуминовой мРНК (мРНК для белков куриного яйца) в бесклеточных системах.

При некоторых вирусных инфекциях подавление трансляции хозяйских мРНК и преимущественный синтез вирусных белков происходит как результат подобной же конкуренции: вирусные мРНК оказываются более эффективными в инициации трансляции, чем хозяйские мРНК.

Например, это имеет место при заражении клеток вирусом энцефаломиокардита. Здесь опять-таки 5'-концевая последовательность вирусной РНК имеет структуру, сродство которой к хозяйским факторам инициации много выше, чем у клеточных мРНК. Имеются указания, что РНК вируса энцефаломиокардита обладает на порядок более высоким сродством к eIF-4B, чем клеточные мРНК; увод этого фактора инициации на вирусную мРНК мог бы быть причиной угнетения инициации хозяйских белков, хотя прямо этот механизм не показан. Сами факторы инициации, включая кэпсвязывающие белки хозяйской клетки, в случае инфекции данным вирусом никак не модифицируются и их количество не изменяется.

Другой механизм избирательной дискриминации мРНК реализуется при инфекции вирусом полиомиелита. В этом случае инфекция каким-то образом вызывает инактивацию комплекса кэпсвязывающих белков, так что резко снижается эффективность инициации на всех кэппированных мРНК и сохраняется достаточно высокая эффективность инициации на вирусной мРНК, не имеющей кэп-структуры. Есть указание, что инактивация вызывается вирусиндуцированным протеолизом белка с молекулярной массой 220000 дальтон, входящего в состав кэпсвязывающего белкового комплекса (eIF-4F).

Наконец, известны случаи, когда для избирательной дискриминации мРНК используется, по-видимому, изменение ионного состава внутриклеточной среды. Так, заражение фибробластов цыплят вирусом Синдбис вызывает уменьшение концентрации K^+ и увеличение концентрации Na^+ в клетке. В измененных ионных условиях сродство хозяйских мРНК к компонентам инициаторного комплекса падает, в то время как вирусные мРНК сохраняют высокую эффективность инициации (по-видимому, опять-таки за счет каких-то особенностей структуры 5'-концевой последовательности, обеспечивающей более устойчивое сродство к соответствующим белкам). Действительно, оптимальные концентрации одновалентных катионов для трансляции *in vitro* РНК ряда вирусов выше, чем для трансляции большинства клеточных мРНК, включая глобиновые мРНК. Между прочим, эффективность инициации различных клеточных мРНК тоже по-разному меняется при изменении ионного состава; так, соотношение синтезируемых α - и β -цепей глобина отклоняется от нормального в сторону преобладания β -цепей при повышении концентрации KCl в бесклеточной ретикулоцитной системе. Можно предполагать, что дифференциальный эффект концентрации солей на инициацию с различными мРНК связан со вторичной структурой 5'-концевого района: чем более развита вторичная структура, тем она больше будет стабилизироваться повышенной ионной силой и, следовательно, тем хуже расплетаться кэпсвязывающими белками.

Относительно тех факторов инициации, сродство которых к структуре 5'-концевой последовательности мРНК является решающим для избирательной дискриминации, сведения очень противоречивы. Часто обсуждается возможная роль eIF-4A, eIF-4B и eIF-4E, особенно в связи с их вероятным участием в образовании кэпсвязывающего 8–10S комплекса СВР-II. В некоторых случаях как будто бы удавалось выявить различное сродство eIF-2 к разным мРНК, например к α - и β -глобиновым мРНК.

Особый интерес представляют данные о тканеспецифичности eIF-3 и ее возможной роли в тканеспецифической дискриминации мРНК. Уже давно С. М. Хейвуд с сотрудниками пытались показать, что препараты eIF-3 из разных тканей различаются функционально. Если в бесклеточную систему, содержащую как глобиновую, так и миозиновую мРНК, был добавлен препарат eIF-3 из мышц, то это приводило к избирательной стимуляции трансляции миозиновой мРНК. Очищенный eIF-3 из мышц удалось разделить на «сердцевинные» и «дискриминаторные» субъединицы. «Сердцевинный» eIF-3 способствует трансляции как миозиновой, так и глобиновой мРНК, причем миозиновая мРНК транслируется менее эффективно; добавление дискриминаторных субъединиц фактора приводило к преимущественной трансляции миозиновой мРНК. Это указание на позитивную регуляцию инициации со стороны самого сложного фактора инициации, eIF-3, заслуживает внимания как один из возможных путей регуляции на уровне трансляции в процессах клеточной дифференцировки.

Как уже обсуждалось выше (см. гл. V.V), в эукариотических клетках скорость элонгации, а не только инициации трансляции, может подвергаться регуляторным воздействиям, причем эти воздействия тоже могут быть как избирательными, так и тотальными.

Изменения скорости элонгации оказываются важными для регуляции инициации, в том числе для избирательной дискриминации мРНК: замедление элонгации должно приводить к тому, что скорость инициации перестает быть лимитирующим фактором всего процесса трансляции и, следовательно, разница в скоростях инициации разных мРНК будет нивелироваться; другими словами, замедление элонгации будет давать в результате **уменьшение дискриминации** между мРНК с разной «силой» инициации. (Действительно, для случая дискриминации между мРНК α - и β -цепей глобина было прямо показано, что замедление элонгации с помощью частичного ингибирования некоторыми антибиотиками приводит к утрате преимущественной инициации мРНК β -цепи.)

Тотальная репрессия инициации

Геминконтролируемая инициация трансляции в ретикулоцитах. Давно было известно, что синтез белка (главным образом, гемоглобина) в ретикулоцитах кролика и других млекопитающих, а также в лизатах ретикулоцитов и ретикулоцитных бесклеточных системах требует присутствия гемина. В отсутствие гемина синтез белка быстро затухает.

При этом уменьшается количество полирибосом и накапливаются нетранслирующие 80S монорибосомы, что указывает на ингибирование инициации трансляции. Прямые анализы показали, что в отсутствие гемина уменьшается количество инициаторных 43S комплексов, содержащих инициаторную метионил-тРНК_f.

Оказалось, что инкубация ретикулоцитных экстрактов без гемина при физиологических температурах приводит к накоплению специального ингибитора белковой природы. Он был назван *гем-контролируемым ингибитором* (HCI) или *гем-контролируемым репрессором* (HCR). Ингибитор образуется из проингибитора, предсуществующего в клетке

и, соответственно, в экстракте. Добавление ингибитора или экстракта, его содержащего, к бесклеточной системе синтеза глобина приводит к ингибированию синтеза даже в присутствии гемина.

Активация проингибитора и его превращение в ингибитор в отсутствие гемина проходит две фазы. Сначала, в течение минут, проингибитор без гемина превращается в так называемый обратимый ингибитор; добавление к нему гемина снова переводит его в состояние проингибитора. Природа этого превращения, обязательно требующего физиологической температуры, не ясна; так как общие физические параметры этого белка в состоянии проингибитора и обратимого ингибитора одинаковы, предполагают какую-то внутримолекулярную перестройку, приводящую к появлению ингибиторной активности. При дальнейшей инкубации, в течение часов, обратимый ингибитор превращается в необратимый ингибитор. Это превращение происходит, по-видимому, вследствие окисления SH-групп белка и может быть сильно ускорено SH-реагентами, блокирующими SH-группы (например, N-этилмалеимидом или *o*-иодобензоатом). Наоборот, SH-соединения типа восстановленного глутатиона, β -меркаптоэтанола и дитиотреита препятствуют превращению обратимого ингибитора в необратимый ингибитор. При превращении происходит также автофосфорилирование ингибитора за счет АТФ.

Ингибитор — крупный белок. Он характеризуется молекулярной массой от 150000 до 350000 дальтон (по разным оценкам) и коэффициентом седиментации около 6S. Он состоит из одинаковых или разных субъединиц с молекулярной массой около 80000—100000 дальтон каждая.

Ингибитор в активированном состоянии оказался обладающим цАМФ-независимой протеинкиназной активностью, специфически фосфорилирующей α -субъединицу eIF-2 за счет АТФ. Именно эта активность и является ответственной за ингибирование (репрессию) инициации трансляции в клетках, лизатах, экстрактах и бесклеточных системах ретикулоцитов в отсутствие гемина. Киназная активность обратимого ингибитора подавляется гемом. Ингибитор, как уже отмечалось, способен также к автофосфорилированию, которое, возможно, играет какую-то роль в регуляции его активности.

Эффект фосфорилирования eIF-2 ингибитором оказался, однако, не простым. eIF-2 вовсе не инактивируется в результате фосфорилирования его α -субъединицы. Так, препараты исходного eIF-2 и фосфорилированного eIF-2 одинаково активны в образовании тройственного комплекса Met-tRNA_F · eIF-2 · GTP, в связывании этого тройственного комплекса с 40S субчастицей и в конечном образовании инициаторного 80S комплекса, когда eIF-2 покидает рибосому.

В настоящее время показано, что фосфорилирование eIF-2 оказывает эффект на способность фактора взаимодействовать со специальным крупным белком (молекулярная масса около 300000 дальтон), относимым теперь к факторам инициации и обозначаемым как eIF-2B (он же — анти-HCI). Согласно последней принятой схеме (рис. 124), eIF-2 · GDP, освобождаемый из рибосомного инициаторного комплекса на стадии присоединения 60S субчастицы, взаимодействует с eIF-2B (на схеме внизу). В таком eIF-2B · eIF-2 комплексе ГДФ, связанный с eIF-2,

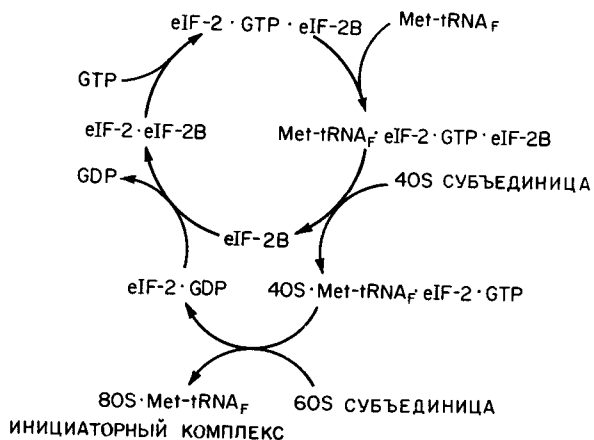


Рис. 124. Схема циклического использования эукариотических факторов инициации eIF-2 и eIF-2B (по M. Salimans et al. Eur. J. Biochem., 1984, v. 145, p. 91–98)

быстро обменивается на ГТФ (на схеме слева). Инициаторная метионил-тРНК непосредственно ассоциирует с комплексом $eIF-2B \cdot eIF-2 \cdot GTP$, давая в результате образование четверного комплекса $eIF-2B \cdot (Met-tRNA \cdot eIF-2 \cdot GTP)$ (на схеме справа). При взаимодействии с 40S субчастицей $eIF-2B$ диссоциирует от $eIF-2$, оставляя $Met-tRNA_F \cdot eIF-2 \cdot GTP$ на рибосомной частице. Следовательно, в норме $eIF-2B$ катализирует реутилизацию $eIF-2$ после его освобождения в форме $eIF-2 \cdot GDP$ и, по-видимому, связывание $Met-tRNA_F \cdot eIF-2 \cdot GTP$ комплекса с 40S рибосомной субчастицей. Если $eIF-2$ фосфорилирован ингибитором (HCl), то $eIF-2B$ по-прежнему комплексируется с ним, но образующийся комплекс $eIF-2(P) \cdot eIF-2B$ очень стабилен, так что $eIF-2B$ оказывается захваченным в комплексе. Так как количество $eIF-2B$ в клетке (или бесклеточной системе) ограничено по сравнению с количеством $eIF-2$, то происходит обеднение свободным $eIF-2B$. Именно поэтому даже частичное (скажем, на 30%) фосфорилирование свободного фонда $eIF-2$ достаточно, чтобы связать весь $eIF-2B$ в стабильный неактивный комплекс. В результате $eIF-2$ накапливается в форме $eIF-2 \cdot GDP$, вместо того чтобы быть быстро вовлеченным в образование инициаторного 43S комплекса. Другими словами, без $eIF-2B$ или в результате его захвата фосфорилированным $eIF-2$ подавляется каталитическое (циклическое) использование $eIF-2$. Поэтому при сравнении действия чистого $eIF-2$ в исходном и фосфорилированном виде они не обнаруживают разницы в своей собственной активности в парциальных реакциях инициации трансляции. Однако когда в смеси присутствует дополнительный белок ($eIF-2B$), стимулирующее (каталитическое) действие последнего проявляется только с нефосфорилированным $eIF-2$.

В заключение следует указать, что фосфорилированию $eIF-2$ гем-контролируемым ингибитором противостоит его дефосфорилирова-

ние с помощью специфической фосфатазы, присутствующей в клетке и в экстракте. На самом деле в нормальной ситуации, в присутствии гемина, определенный уровень протеинкиназной активности, фосфорилирующей eIF-2, всегда имеется, так что существует равновесие между фосфорилированием и дефосфорилированием eIF-2:



Дефицит гемина приводит к активации больших количеств НСI и, следовательно, к сдвигу равновесия в сторону фосфорилированного eIF-2.

Репрессия трансляции под действием двуспиральной РНК. В лизате ретикулоцитов двуцепочечные РНК, включая как двуспиральные фрагменты вирусного происхождения (полиовируса или реовирусов), так и синтетические комплексы поли(А)·поли(У) или поли(І)·поли(С), вызывают ингибирование синтеза белка в присутствии гемина, похожее по всем признакам на репрессию, вызываемую отсутствием гемина. Двуцепочечная РНК, которая оказывает такое воздействие на трансляцию, должна состоять не менее, чем из 50 пар нуклеотидных остатков. Оказалось, что, так же как и в результате отсутствия гемина, в присутствии такой двуцепочечной РНК происходит активация ингибитора инициации, обозначаемого как dsI, и этот ингибитор тоже является протеинкиназой, фосфорилирующей α -субъединицу eIF-2. В отличие от НСI, однако, dsI связан с рибосомными частицами и представляет собой белок с молекулярной массой около 67000 дальтон. Активация ингибитора требует АТФ и происходит как результат автофосфорилирования белка. Именно автофосфорилирование индуцируется взаимодействием белка с двуцепочечной РНК. По-видимому, механизм репрессии инициации под действием активированного dsI во всем аналогичен таковому в случае НСI и заключается в изменении взаимодействия eIF-2 в результате его фосфорилирования с дополнительным белком eIF-2В (см. выше).

DsI представляет, по-видимому, особый интерес в связи с противовирусным действием интерферона на животные клетки. Дело в том, что взаимодействие клеток с интерфероном приводит к индукции образования ряда белков, в том числе к увеличению уровня цАМФ-независимой протеинкиназы, фосфорилирующей α -субъединицу eIF-2. Так же как и dsI, эта протеинкиназа находится в неактивном (латентном) состоянии до тех пор, пока она не вступит во взаимодействие с двуспиральной РНК. Не исключено, что это либо тот же белок, что и dsI, либо dsI входит в состав фермента интерферонообработанных клеток в качестве одной из субъединиц.

Интересно, что двуцепочечная РНК вызывает сильное ингибирование синтеза белка в лизате ретикулоцитов без всякой их предобработки интерфероном, но оказывает сравнительно слабое воздействие на трансляцию в экстрактах таких клеток, как

HeLa, L, асцитной опухоли Эрлиха и др. Обработка этих клеток интерфероном значительно повышает чувствительность их экстрактов к ингибирующему действию двуцепочечной РНК, и это непосредственно коррелирует с фосфорилированием eIF-2 в присутствии двуцепочечной РНК. В настоящее время считается, что интерферон индуцирует синтез протеинкиназы *de novo*, чем подготавливает клетку к «противовирусному состоянию». Внедрение вируса и появление в клетке длинных двуцепочечных районов РНК немедленно активирует фермент, давая в результате фосфорилирование eIF-2 и, тем самым, подавление скорости инициации. Среди ряда других событий, индуцируемых интерфероном, это может иметь значение в подавлении синтеза вирусных компонентов.

Следует отметить, что интерферон индуцирует также образование олигоизааденилсинтетазы Е, требующей для своей активности двуцепочечной РНК и синтезирующей кофактор предсуществующей РНКазы F-(2'-5')олигоаденилат; в результате РНКазы F начинает разрушать мРНК.

Рекомендуемая литература

Шанвиль Ф., Энни А.-Л. Биосинтез белка/Пер. с франц. яз.; Под ред. Л. Л. Киселева. М.: Мир, 1977.

Bosch L., ed. The Mechanism of Protein Synthesis and Its Regulation. Amsterdam, London: North-Holland, 1972, p. 87-131; 395-440; 487-537.

Chambliss G. et al., eds. Ribosomes: Structure, Function, and Genetics. Baltimore: Univ. Park Press, 1980, p. 479-495; 825-845.

Cohn W. E., ed. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1977, v. 20, p. 209-284; 1978, v. 21, p. 1-38; 1981, v. 25, p. 127-185.

Cohn W. E., Volkin E., eds. mRNA: The Relation of Structure to Function. Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology. N. Y.: Acad. Press, 1976, v. 19.

Horecker B. L., Stadtman E. R., eds. Current Topics in Cellular Regulation. N. Y.: Acad. Press, 1982, v. 21, p. 65-88.

Moscona A. A., Monroy A., eds. Current Topics in Developmental Biology. N. Y.: Acad. Press, 1966, v. 1, p. 1-38; 1967, v. 2, p. 1-47.

Weissbach H., Pestka S. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 245-321; 555-601.

Anderson W. F., Bosch L., Cohn W. E. et al. International Symposium on Protein Synthesis: Summary of Fogarty Center-NIH Workshop held in Bethesda, Maryland, 18-20 October, 1976. - FEBS Lett., 1977, v. 76, p. 1-10.

Austin S. A., Clemens M. J. Control of the initiation of protein synthesis in mammalian cells. - FEBS Lett., 1980, p. 110, p. 1-7.

Beele D. C., Piatigorsky J. Translational regulation of δ -crystallin synthesis during development in the chicken embryo. - Dev. Biol., 1981, v. 84, p. 96-101.

Benne R., Brown-Luedi M., Hershey J. W. B. Purification and characterization of protein synthesis initiation factors eIF-1, eIF-4C, eIF-4D, and eIF-5 from rabbit reticulocytes. - J. Biol. Chem., 1978, v. 253, p. 3070-3077.

Bester A. J., Kennedy D. S., Heywood S. M. Two classes of translational control RNA: their role in the regulation of protein synthesis. - Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1975, v. 72, p. 1523-1527.

Biern M., Gurdon J. B. The heat-shock response in *Xenopus* oocytes is controlled at the translational level. - Cell, 1982, v. 29, p. 811-819.

Brown J. C., Smith A. E. Initiation codons in eukaryotes. - Nature, 1970, v. 226, p. 610-612.

Buckingham M. E., Cohen A., Gros F. Cytoplasmic distribution of pulse-labelled poly(A)-containing RNA, particularly 26S RNA, during myoblast growth and differentiation. - J. Mol. Biol., 1976, v. 103, p. 611-626.

- Civelli O., Vincent A., Maundrell K. et al. The translational repression of globin mRNA in free cytoplasmic ribonucleoprotein complexes. – *Eur. J. Biochem.*, 1980, v. 107, p. 577–585.
- Carrasco L., Smith A. E. Sodium ions and the shut-off of host cell protein synthesis by picornaviruses. – *Nature*, 1976, v. 264, p. 807–809.
- Davis B. D. Role of subunits in the ribosome cycle. – *Nature*, 1971, v. 231, p. 153–157.
- Di Segni G., Rosen H., Kaempfer R. Competition between α - and β -globin messenger ribonucleic acids for eucaryotic initiation factor 2. – *Biochemistry*, 1979, v. 18, p. 2847–2854.
- Erni B., Staehelin T. Base-pair formation between 18S ribosomal RNA and globin mRNA during initiation of protein synthesis in vitro. – *FEBS Lett.*, 1982, v. 148, p. 79–82.
- Etchison D., Milburn S. C., Ederly I. et al. Inhibition of HeLa cell protein synthesis following poliovirus infection correlates with the proteolysis of a 220,000 dalton polypeptide associated with eucaryotic initiation factor 3 and a cap binding protein complex. – *J. Biol. Chem.*, 1982, v. 257, p. 14806–14810.
- Freinstein C., Blöbel G. Nonribosomal proteins associated with eukaryotic native small ribosomal subunits. – *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.*, 1975, v. 72, p. 3392–3396.
- Gette W. R., Heywood S. M. Translation of myosin heavy chain messenger ribonucleic acid in an eukaryotic initiation factor 3- and messenger-dependent muscle cell-free system. – *J. Biol. Chem.*, 1979, v. 254, p. 9879–9885.
- Jacobson M. F., Baltimore D. Polypeptide cleavage in the formation of poliovirus proteins. – *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.*, 1968, v. 61, p. 77–84.
- Kennedy D. S., Heywood S. M. The role of muscle and reticulocyte initiation factor 3 on the translation of myosin and globin messenger RNA in a wheat germ cell-free system. – *FEBS Lett.*, 1976, v. 72, p. 314–318.
- Konieczny A., Safer B. Purification of the eukaryotic initiation factor 2 – eukaryotic initiation factor 2B complex and characterization of its guanine nucleotide exchange activity during protein synthesis initiation. – *J. Biol. Chem.*, 1983, v. 258, p. 3402–3408.
- Kozak M. How do eukaryotic ribosomes select initiation regions of messenger RNA? – *Cell*, 1978, v. 15, p. 1109–1123.
- Kozak M. Inability of circular mRNA to attach to eukaryotic ribosomes. – *Nature*, 1979, v. 280, p. 82–85.
- Kozak M. Evaluation of the «scanning model» for initiation of protein synthesis in eukaryotes. – *Cell*, 1980, v. 22, p. 7–8.
- Kozak M. Possible role of flanking nucleotides in recognition of the AUG initiator codon by eukaryotic ribosomes. – *Nucleic Acids Res.*, 1981, v. 9, p. 5233–5252.
- Kozak M. Comparison of initiation of protein synthesis in procaryotes, eucaryotes, and organelles. – *Microbiol. Rev.*, 1983, v. 47, p. 1–45.
- Lodish H. F. Alpha and Beta globin messenger ribonucleic acid. Different amounts and rates of initiation of translation. – *J. Biol. Chem.*, 1971, v. 246, p. 7131–7138.
- Lodish H. F. Translational control of protein synthesis. – *Ann. Rev. Biochem.*, 1976, v. 45, p. 39–72.
- Ochoa S. Regulation of protein synthesis initiation in eucaryotes. – *Arch. Biochem. Biophys.*, 1983, v. 223, p. 325–349.
- Ovchinnikov L. P., Spirin A. S., Erni B., Staehelin T. RNA-binding proteins of rabbit reticulocytes contain the two elongation factors and some of the initiation factors of translation. – *FEBS Lett.*, 1978, v. 88, p. 21–26.
- Palmiter R. D. Differential rates of initiation on conalbumin and ovalbumin messenger ribonucleic acid in reticulocyte lysates. – *J. Biol. Chem.*, 1974, v. 249, p. 6779–6787.
- Paterson B. M., Rosenberg M. Efficient translation of prokaryotic mRNAs in a eukaryotic cell-free system requires addition of a cap structure. – *Nature*, 1979, v. 279, p. 692–696.
- Pennequin P., Robins D. M., Schimke R. T. Regulation of translation of ovalbumin messenger RNA by estrogens and progesterone in oviduct of withdrawn chicks. – *Eur. J. Biochem.*, 1978, v. 90, p. 51–58.
- Revel M., Groner Y. Post-transcriptional and translational controls of gene expression in eukaryotes. – *Ann. Rev. Biochem.*, 1978, v. 47, p. 1079–1126.
- Rosenberg M., Paterson B. M. Efficient cap-dependent translation of polycistronic prokaryotic mRNAs is restricted to the first gene in the operon. – *Nature*, 1979, v. 279, p. 696–701.
- Safer B., Grunberg-Manago M., Badman D. et al. International symposium on translational / transcriptional regulation of gene expression. Highlights of the Fogarty International Center Meeting held in Bethesda, Maryland, on 7–9 April, 1982. – *FEBS Lett.*, 1982, v. 147, p. 1–10.

Schreier M. H., Erni B., Staehelin T. Initiation of mammalian protein synthesis. I. Purification and characterization of seven initiation factors. — J. Mol. Biol., 1977, v. 116, p. 727–753.

Smith A. E., Marcker K. A. Cytoplasmic methionine transfer RNAs from eukaryotes. — Nature, 1970, v. 226, p. 607–610.

Sonenberg N. ATP / Mg^{2+} -dependent cross-linking of cap binding proteins to the 5'-end of eukaryotic mRNA. — Nucleic Acids Res., 1981, v. 9, p. 1643–1656.

Spirin A. S. Informosomes. — Eur. J. Biochem., 1969, v. 10, p. 20–35.

Thomas A. A. M., Benne R., Voorma H. O. Initiation of eukaryotic protein synthesis. — FEBS Lett., 1981, v. 128, p. 177–185.

Van Venrooij W. J., Janssen A. P. M., Haeymakers J. H., DeMan B. M. On the heterogeneity of native ribosomal subunits in Ehrlich-scarcoma-tumor cells cultured in vitro. — Eur. J. Biochem., 1976, v. 64, p. 429–435.

Глава VIII

ТЕРМИНАЦИЯ ТРАНСЛЯЦИИ

1. КОДОНЫ ТЕРМИНАЦИИ

Начав трансляцию на иницирующем триплете AUG (или GUG), рибосома далее читает мРНК по три нуклеотидных остатка и, соответственно, синтезирует (элонгирует) полипептидную цепь, пока не дойдет до триплетов UAA, UAG или UGA. Эти триплеты не имеют своей аминоацил-тРНК, и на них трансляция прекращается. Они являются кодоном терминации.

Кодон терминации обязательно присутствует в конце кодирующей части каждой природной мРНК. Иногда можно видеть даже тандем терминирующих кодонов, например в конце цистрона белка оболочки бактериофага MS2, где за терминирующим кодоном UAA следует триплет UAG (см. рис. 6).

Надо сказать, что вне фазы (рамки) считывания триплеты UAA, UAG и UGA в пределах кодирующей последовательности мРНК встречаются существенно чаще, чем в фазе считывания, где имеется, как правило, всего один терминирующий кодон на всю кодирующую последовательность. Поэтому обычно случайный сдвиг рамки в процессе элонгации не может привести к синтезу очень длинного неправильного полипептида и чаще всего приводит к скорой терминации этой неправильной трансляции. В не-кодирующих участках мРНК, включая межцистронные участки полицистронных РНК, частота терминирующих триплетов обычно также высока.

Терминирующий триплет в рамке считывания может появиться в кодирующей части мРНК в результате мутации. Например, замена G на A в триптофановом кодоне (UGG) приводит к появлению либо UAG, либо UGA; замена C на U в глутаминовых кодонах (CAA и CAG) приводит к появлению либо UAA, либо UAG. Такие мутации называются «бессмысленными» (nonsense); появление UAG обозначается как «янтарная» мутация, UAA — «охровая», а UGA — «опал». Эти мутации приводят не к замене

аминокислотного остатка в синтезируемом полипептиде, а к преждевременной терминации, как раз в точке появления «бессмысленного» кодона. Другая мутация, изменяющая антикодон какой-либо тРНК так, что он становится комплементарным бессмысленному кодону, может привести к супрессии бессмысленной мутации; например, тирозиновая тРНК, в которой антикодон GUA изменен на CUA, узнает терминаторный кодон UAG и, таким образом, супрессирует «янтарные» мутации.

В процессе трансляции возможны ошибки, в том числе такие, когда нормальный терминирующий кодон, завершающий кодирующую последовательность мРНК, узнается тРНК, имеющей антикодон, близкий комплементарному, например нормальной триптофановой тРНК. Тогда происходит «проскок» («reading-through»), и получается более длинный полипептид, чем должно быть. Образование таких удлинённых продуктов, в дополнение к основной массе нормального продукта, нередко отмечается при изучении белкового синтеза как *in vivo*, так и *in vitro*. По этой же причине возможно образование небольшого количества нормального продукта в «бессмысленных» мутантах («leakage»).

Из трех терминирующих кодонов самым «слабым» является UGA. Он чаще всего может «проскакиваться» транслирующей рибосомой, по-видимому, за счет его узнавания триптофановой тРНК. В некоторых случаях этот терминирующий кодон специально используется в природе для того, чтобы в дополнение к основному белковому продукту, синтез которого завершается на этом кодоне, происходило образование небольших количеств другого физиологически важного белка из удлинённого полипептида. Такая ситуация наблюдается при трансляции РНК фага Q β : цистрон белка оболочки фага заканчивается терминаторным кодоном UGA, который время от времени «проскакивается» рибосомами, что приводит к синтезу небольших количеств значительно более длинного, чем белок оболочки, полипептида; последний является необходимым продуктом трансляции фаговой РНК, так как требуется для сборки полноценной (инфекционной) фаговой частицы.

Следует сделать оговорку в отношении митохондриального генетического кода: в митохондриях млекопитающих и грибов кодон UGA не терминирующий, а связывает триптофановую тРНК, т.е. кодирует, как и UGG, триптофан; с другой стороны, сообщалось, что в митохондриях млекопитающих кодоны AGA и AGG являются терминирующими, а не кодируют аргинин.

2. БЕЛКОВЫЕ ФАКТОРЫ ТЕРМИНАЦИИ

Когда терминирующий кодон оказывается в А-участке рибосомы, он узнается специальным растворимым белком, который садится на рибосому и индуцирует гидролиз сложной связи между тРНК и полипептидом молекулы пептидил-тРНК в Р-участке. В результате полипептид освобождается из рибосомы. Белки, узнающие терминирующие кодоны и индуцирующие освобождение

полипептида, получили название *факторов терминации* или факторов освобождения (release factors, RF).

В прокариотах имеются три белка, участвующих в терминации и обозначаемых как RF-1, RF-2 и RF-3. Молекулярные массы этих белков лежат между 45000 и 50000 дальтон. RF-1 узнает кодоны UAA и UAG, RF-2 специфичен к кодонам UAA и UGA, в то время как RF-3 в узнавании кодонов непосредственного участия не принимает, а требуется для вовлечения ГТФ/ГДФ в процесс терминации.

В эукариотах имеется единственный фактор терминации, называемый RF. Его мономерная форма имеет молекулярную массу около 50000—60000 дальтон, но, по-видимому, он обычно присутствует в виде димера с молекулярной массой около 120000 дальтон. RF способен узнавать все три терминирующих кодона (UAA, UAG и UGA), взаимодействует с ГТФ и вместе с рибосомой проявляет ГТФазную активность.

Взаимодействуя с терминирующим кодоном и рибосомой, факторы терминации (RF-1 и RF-2 прокариот или RF эукариот) как бы имитируют посадку аминоксил-тРНК в А-участок транслирующей рибосомы. Однако вместо последующей атаки сложной связи пептидил-тРНК аминокислотной группой аминоксил-тРНК имеет место атака той же связи молекулой воды. В обоих случаях реакцию переноса пептидильного остатка либо на аминокислотную группу, либо на воду катализирует пептидилтрансферазный центр рибосомы (см. ниже).

Проблема специфического фактор-кодонного взаимодействия, вместо кодон-антикодонного взаимодействия, очень интересна. Поразительно, что белок тоже узнает именно триплет нуклеотидов, и узнавание имеет такую же высокую степень специфичности. Более того, при наличии супрессорной тРНК, комплементарной терминирующему кодону, аминоксил-тРНК и фактор терминации равноправно конкурируют за посадку в А-участок рибосомы. Использование различных модифицированных нуклеотидных остатков в терминирующих кодонах указывает на то, что специфичность RF в узнавании кодона очень напоминает специфичность Уотсон — Криковского спаривания оснований, включая Криковское неоднозначное спаривание («wobble»). Безусловно, структура белкового «антикодона» представляет собой очень интригующую и важную задачу, в том числе для решения общих проблем белок-нуклеинового узнавания.

Функционирование факторов терминации, так же как факторов элонгации и одного из факторов инициации, зависит от ГТФ. Для эукариотических систем это показано достаточно четко: ГТФ, так же как и его нерасщепляемый аналог, стимулирует кодонзависимое связывание RF с рибосомой, с другой стороны, RF на рибосоме обладает ГТФазной активностью, которая, видимо, нужна для расщепления ГТФ с целью освобождения RF с терминировавшей рибосомы. Для прокариотов имеются следующие факты: 1) RF-3 имеет родство к ГТФ и к ГДФ; 2) RF-3 в присутствии рибосомы обладает

ГТФазной активностью; 3) RF-3 стимулирует кодонзависимое связывание RF-1 и RF-2 с рибосомой; 4) RF-3 с ГДФ стимулирует освобождение RF-1 и RF-2 из рибосомы. Хотя прямо необходимость комплекса RF-3 с ГТФ для кодонзависимого связывания RF-1 и RF-2 показана не была, но не исключено, что это именно так, особенно в условиях *in vivo*.

3. РИБОСОМНЫЙ УЧАСТОК СВЯЗЫВАНИЯ ФАКТОРОВ ТЕРМИНАЦИИ

Уже говорилось, что факторы терминации узнают терминирующий кодон, установленный именно в А-участке рибосомы. Прежде всего, кодонзависимое связывание RF возможно только после транслокации пептидил-тРНК из А-участка в Р-участок. В экспериментах *in vitro* можно прямо связать триплет AUG и инициаторную F-Met-tRNA с Р-участком вакантной рибосомы, а затем добавить RF и триплет UAA (или UAG, или UGA); последние связываются и индуцируют гидролиз F-Met-tRNA в Р-участке с освобождением свободного формилметионина. Довольно очевидно, что в указанном случае терминирующий триплет и RF попадают в вакантный А-участок. Тот факт, что супрессорная аминоацил-тРНК с EF-T_u и ГТФ, несущая антикодон, комплементарный терминирующему кодону, конкурирует с RF в процессе трансляции, тоже говорит об А-участке как месте связывания RF. Такие ингибиторы А-участка рибосомы, как тетрациклин и стрептомицин, ингибируют кодонзависимое связывание факторов терминации с рибосомой. EF-G, стабильно связанный с рибосомой (например, в присутствии фусидовой кислоты), мешает как связыванию комплекса Aa-tRNA · EF-T_u · GTP, так и RF с рибосомой. Белок прокариотической рибосомы L7 / L12, образующий боковой стержень на 50S субчастице, способствует как связыванию факторов элонгации, так и RF. Данные по ингибированию кодонзависимого связывания RF антителами к индивидуальным рибосомным белкам подтверждают, что место связывания RF сильно перекрывается одновременно с А-участком и участком связывания факторов элонгации.

4. ГИДРОЛИЗ ПЕПТИДИЛ-ТРНК

Кодонзависимое связывание фактора терминации необходимо, чтобы произошли гидролиз пептидил-тРНК в Р-участке и освобождение полипептида из рибосомы. Показано, что гидролиз пептидил-тРНК в рибосоме подавляется всеми теми же ингибиторами, которые подавляют пептидилтрансферазную реакцию. Так, хлорамфеникол, амицетин, линкомицин, гугеротин, спарсомицин и др., будучи типичными ингибиторами рибосомной пептидилтрансферазы, подавляют RF-индуцируемое освобождение пептида из бактериальных рибосом. Эти же антибиотики совсем не подавляют кодонзависимого связывания RF с бактериальной рибосомой. Следовательно,

терминирующий гидролиз пептидил-тРНК осуществляется, скорее всего, именно пептидилтрансферазным центром рибосомы.

Имеются независимые данные о том, что пептидилтрансферазный центр рибосомы может образовывать сложноэфирные связи между С-концом пептида и оксианалогами аминоацил-тРНК или пурамицина. Кроме того, в присутствии метанола или этанола и деацилированной тРНК может происходить метанолиз или, соответственно, этанолиз пептидил-тРНК в Р-участке рибосомы, т.е. перенос пептидного остатка на оксигруппу спирта. В присутствии других органических растворителей, например ацетона, перенос пептидного остатка происходит на воду, т.е. имеет место катализируемый рибосомой гидролиз сложноэфирной связи пептидил-тРНК; гидролиз зависит от присутствия деацилированной тРНК или ее 3'-концевой последовательности ССА. В этом случае гидролиз пептидил-тРНК тоже подавляется ингибиторами рибосомной пептидилтрансферазы.

Возможно, что кодонзависимое связывание фактора терминации каким-то образом делает пептидилтрансферазный центр рибосомы просто доступным для воды, которая является для него хорошим субстратом; в результате перенос пептида происходит на воду, тем более что конкурирующая аминогруппа аминоацил-тРНК в данной ситуации отсутствует. Например, это могло бы быть достигнуто в результате некоторого раздвигания рибосомных субчастиц или легкого раскрытия (разрыхления) большой субчастицы, несущей пептидилтрансферазный центр. Однако пока нельзя исключать и другую альтернативу, предполагающую непосредственное участие либо какой-то нуклеофильной группы белка RF в атаке сложноэфирной связи и промежуточном кратковременном акцептировании пептида, либо RF-фиксированной молекулы воды как специфического акцептора.

5. ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ СОБЫТИЙ В ПРОЦЕССЕ ТЕРМИНАЦИИ

Итак, терминация трансляции включает несколько последовательных шагов.

Первый шаг — *узнавание* терминирующего кодона, когда он оказывается в А-участке транслирующей рибосомы, белковым фактором терминации. Это узнавание завершается *связыванием* фактора терминации, в котором принимают участие как кодон на 30S субчастице, так и факторсвязывающий участок рибосомы на 50S субчастице рибосомы. Есть все основания думать, что для связывания с факторсвязывающим участком (по-видимому, у основания стержня L7/L12) требуется ГТФ. В прокариотах это осуществляется двумя взаимодействующими белками — RF-1 (или RF-2), узнающим кодон, и RF-3, связывающим ГТФ и, возможно, ответственным за связывание с факторсвязывающим участком у основания L7/L12-стержня (по аналогии с аминоацил-тРНК и EF-T_u, соответственно). В эукариотах как в узнавании кодона,

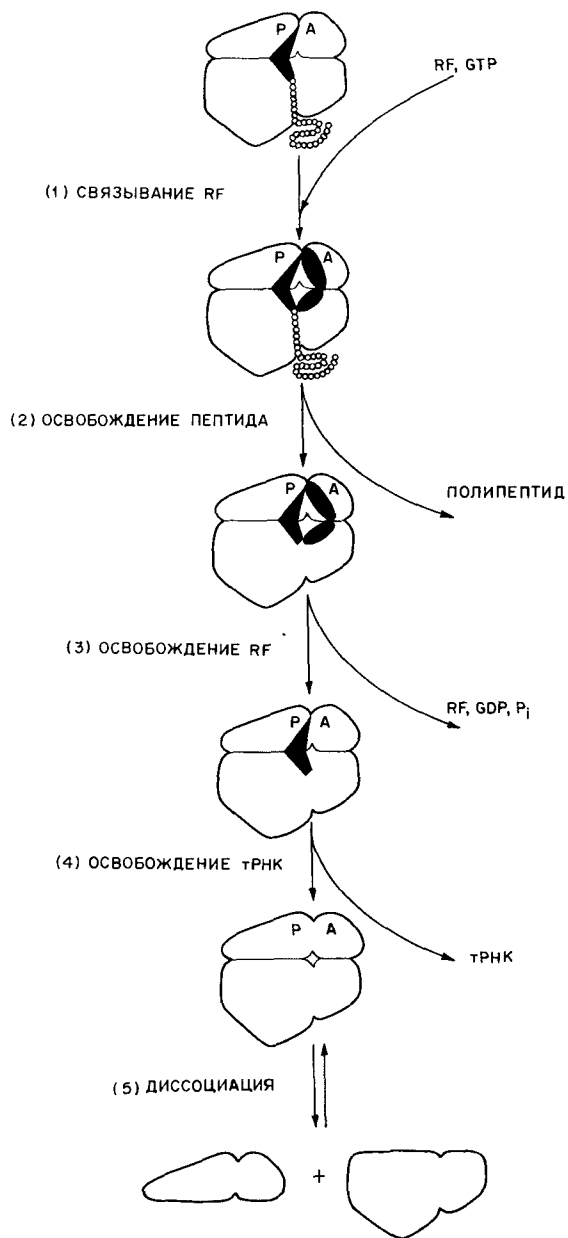


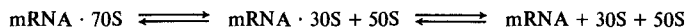
Рис. 125. Схема последовательности событий в процессе терминации трансляции

так и во взаимодействии с ГТФ действует единый фактор RF.

Второй шаг — гидролиз сложноэфирной связи пептидил-тРНК в Р-участке. Гидролиз катализируется пептидилтрансферазным центром рибосомы на 50S субчастице. Именно связывание факторов терминции как с терминирующим кодоном, так и с фактор-связывающим центром рибосомы наводит гидролазную активность пептидилтрансферазного центра или как-то обеспечивает наличие молекулы воды в качестве акцепторного субстрата в нем. В результате пептид освобождается из рибосомы. Рибосома пока остается на мРНК с деацилированной тРНК в Р-участке и фактором (факторами) терминции, связанным с ГТФ, в А-участке.

Третий шаг — эвакуация лигандов из рибосомы. Прежде всего уходят, по-видимому, факторы терминции. Можно предполагать, по аналогии с EF-T_u, EF-G и IF-2, что индуцируется гидролиз ГТФ, и в результате уменьшается сродство фактора терминции к рибосоме. Есть указание, что эвакуация деацилированной тРНК из Р-участка рибосомы промотируется специальным белком, фактором освобождения (heat labile releasing factor, HLR).

Вакантная рибосома обладает значительно меньшей прочностью ассоциации ее субчастиц, чем рибосома с лигандами, так что теперь имеет место обратимая диссоциация-ассоциация; после диссоциации 50S субчастицы мРНК-связанная 30S субчастица не прочно удерживается на матрице и тоже может легко диссоциировать:



Однако, как уже отмечалось в гл. B.VI. 30S субчастица не обязательно покидает матрицу после завершения терминции, а может некоторое время скользить вдоль нее без трансляции и реинициировать трансляцию на следующем цистроне в той же полицистронной мРНК.

Схематически последовательность событий в ходе терминции трансляции дана на рис. 125.

Рекомендуемая литература

Шангиль Ф., Энни А.-Л. Биосинтез белка: Пер. с франц./Под ред. Л. Л. Киселева. М.: Мир, 1977.

The Mechanism of Protein Synthesis. — Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol., 1969, v. 34, p. 167–177; 469–488.

Weissbach H., Pestka S., eds. Molecular Mechanisms of Protein Biosynthesis. — N. Y.: Acad. Press, 1977, p. 443–465.

Brenner S., Stretton A. O. W., Kaplan S. Genetic code: the «nonsense» triplets for chain termination and their suppression. — Nature, 1965, v. 206, p. 994–998.

Brenner S., Barnett L., Katz E. R., Crick F. H. C. UGA: a third nonsense triplet in the genetic code. — Nature, 1967, v. 213, p. 449–450.

Garen A. Sense and nonsense in the genetic code. — Science, 1968, v. 160, p. 149–159.

Geller A. I., Rich A. A UGA termination suppression tRNA^{Trp} active in rabbit reticulocytes. — Nature, 1980, v. 283, p. 41–46.

Hofstetter H., Monstein H.-J., Weissman C. The readthrough protein A₁ is essential for the formation of viable Q β particles. — Biochim. Biophys. Acta, 1974, v. 374, p. 238–251.

Weiner A. M., Weber K. A single UGA codon functions as a natural termination signal in the coliphage Q β coat protein cistron. — J. Mol. Biol., 1973, v. 80, p. 837–855.

Глава IX

КО-ТРАНСЛЯЦИОННОЕ СВОРАЧИВАНИЕ, КОМПАРТМЕНТАЛИЗАЦИЯ И МОДИФИКАЦИЯ БЕЛКА

1. ВКЛАД РИБОСОМЫ В СВОРАЧИВАНИЕ БЕЛКА

Фундаментальный факт в наших знаниях по рибосомному синтезу белка состоит в том, что полипептидная цепь строится путем **последовательного роста** от N-конца к С-концу. В течение элонгации растущий С-конец остается всегда ковалентно фиксированным в пептидилтрансферазном центре на рибосоме, а N-конец свободен. Естественно допустить, что **по мере синтеза** белка на рибосоме должно происходить также его сворачивание, и что сворачивание должно начинаться с его N-концевой части.

Однако факторы, определяющие сворачивание N-концевой части растущего пептида, будут, очевидно, различны в зависимости от того, насколько удален рассматриваемый участок от фиксированного С-конца. В самом деле, можно рассматривать три различные ситуации, в которых оказываются аминокислотные остатки растущего пептида.

1. В самом пептидилтрансферазном центре рибосомы, как уже указывалось в разделе В.III.4, два аминокислотных остатка (донорный и акцепторный) должны располагаться в определенной ориентации по отношению друг к другу, всегда однотипной (эквивалентной), независимо от их природы; вероятной является их взаимная ориентация, соответствующая универсальной α -спиральной конформации полипептидного остова.

2. Транслокация выводит аминокислотный остаток, предшествующий С-концевому, из пептидилтрансферазного центра рибосомы, а дальнейшее добавление очередных остатков к С-концу все более отодвигает его и примыкающие к нему остатки от пептидилтрансферазы. Однако участок пептида длиной приблизительно 30–40 остатков, начиная от пептидилтрансферазного центра (т. е. от растущего С-конца), оказывается все еще закрытым рибосомой и не экспонированным в виде свободной цепи в окружающий раствор. В какой конформации пребывает этот примыкающий к С-концу участок растущего пептида и какое влияние оказывает на него рибосомное окружение — вопрос открытый. Кажется маловероятным, что пептид в рибосоме переходит в состояние вытянутой цепи или беспорядочного клубка. При каждом акте транспептидации и последующей транслокации пептид должен проталкиваться сквозь рибосому на один остаток, и необходимая для этого жесткость и векторность могли бы обеспечиваться его α -спиральной конформацией (т. е. сохранением **исходной** конформации, задаваемой пептидилтрансферазным центром). Имеется еще одно веское соображение: спиральная конформация любого полипептида оказывается предпочтительной в канале или другом

достаточно узком объеме, ограничивающем крупномасштабную подвижность частей макромолекулы.

3. За пределами 30—40 остатков, примыкающих к С-концу, N-концевая часть растущего пептида оказывается свешенной с рибосомы в окружающую среду. Здесь уже действуют все те факторы, которые определяют спонтанное сворачивание пептида в конформацию, диктуемую условиям среды. Однако необходимо учитывать три обстоятельства, делающих ситуацию отличной от таковой, наблюдаемой при спонтанной ренатурации развернутого белка в опытах *in vitro*. Во-первых, если рибосома обеспечивала и поддерживала какую-то определенную универсальную конформацию растущего пептида внутри себя, например α -спираль, то сворачивание белка может начинаться не из вытянутого или беспорядочного состояния цепи, а из данной стартовой конформации. Во-вторых, поиск путей сворачивания начинается не с любых и не с разных участков полипептидной цепи, а идет последовательно с N-концевой части цепи. В-третьих, в процессе сворачивания С-конец фиксирован на частице большой молекулярной массы (т.е. подвижность его резко ограничена), что должно приводить к большей стабильности промежуточных структур по сравнению с аналогичными структурами свободной полипептидной цепи.

То, что сворачивание полипептида в белок происходит в процессе синтеза на рибосоме, т.е. *ко-трансляционно*, следует из целого ряда косвенных свидетельств. Одно из них — приобретение растущим пептидом на рибосоме активностей, присущих готовому белку со сформированной третичной структурой. Давно известный пример — синтез β -галактозидазы: ферментативная активность этого белка требует не только сворачивания полипептидной цепи в третичную структуру, но и объединения четырех субъединиц в четвертичную структуру; оказалось, что растущая цепь до своего завершения, будучи присоединенной к рибосоме, уже способна ассоциировать со свободными субъединицами белка, и комплекс на рибосоме проявляет β -галактозидазную активность.

Еще более убедительны опыты, демонстрирующие приобретение растущим пептидом на рибосоме иммунологической специфичности, присущей нативной конформации готового белка. Так, рибосомы, несущие растущие цепи β -галактозидазы, реагируют с антителами против готового фермента еще задолго до завершения трансляции мРНК и освобождения белка. Используемые антитела были специфичны к третичной структуре: денатурация рибосомосвязанного материала путем нагревания полностью разрушала его способность реагировать с антителами.

Не исключено, что, в отличие от ренатурации свободной развернутой полипептидной цепи *in vitro*, достижение правильной конечной конформации белка на рибосоме идет более направленно и потому в ряде случаев быстрее и надежнее. Другими словами, рибосома могла бы способствовать определенному пути сворачивания. Этот вклад рибосомы включал бы, по крайней мере,

детерминацию последовательности процесса сворачивания от N-конца к С-концу цепи, задание определенной стартовой конформации (в частности, углов φ и ψ) каждого аминокислотного остатка цепи и поддержание (стабилизацию) промежуточных локальных конформаций за счет фиксации С-конца.

К сожалению, экспериментальное решение проблемы сворачивания белка с учетом возможного вклада рибосомы в этот процесс еще не начиналось.

2. ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ РИБОСОМЫ И РАСТУЩЕГО ПЕПТИДА С МЕМБРАНОЙ. КО-ТРАНСЛЯЦИОННЫЙ ТРАНСМЕМБРАННЫЙ ТРАНСПОРТ

Синтез белков свободными и мембрано- связанными полирибосомами

Итак, когда рибосома синтезирует пептид длиной более 30—40 аминокислотных остатков, N-концевая часть пептида уже высовывается за пределы рибосомы. Эта внерибосомная часть начинает сворачиваться в определенную структуру, в соответствии со своей аминокислотной последовательностью и окружением.

В то же время известно, что как в прокариотических, так и в эукариотических клетках часть рибосом, организованных в полирибосомы, является «свободными» (хотя в эукариотах они, по-видимому, связаны с каким-то «цитоскелетом»), а другая часть прикреплена к мембранам. В прокариотах полирибосомы могут сидеть на внутренней стороне цитоплазматической мембраны клетки, в то время как в эукариотах местом размещения мембраносвязанных рибосом является так называемый шероховатый эндоплазматический ретикулум цитоплазмы; прикрепленные рибосомы могут продуцировать пептид непосредственно в мембрану. Соответственно, в зависимости от локализации рибосом, ко-трансляционное внерибосомное сворачивание растущего полипептида может происходить либо в водной среде цитоплазмы, либо в гидрофобном окружении липидного бислоя мембраны.

Уже давно было отмечено, что свободные полирибосомы продуцируют в основном водорастворимые белки для внутренних потребностей самой цитоплазмы, в то время как мембраносвязанные частицы синтезируют либо белки для мембран, либо секреторные белки, выводимые через мембраны из клетки. Очевидно, что растворимые цитоплазматические белки, синтезируемые на свободных полирибосомах, сворачиваются по мере выхода из рибосомы в водном окружении, в результате формируя типичную глобулярную структуру с гидрофобным ядром внутри и более или менее полярной поверхностью. В то же время, синтез белков на мембраносвязанных рибосомах приводит к тому, что растущий пептид вводится в контакт с гидрофобным окружением липидного бислоя мембраны, и значит, должен сворачиваться, по крайней

мере поначалу, в гидрофобном окружении. В случае белков, постоянно удерживаемых в данной мембране (мембране эндоплазматического ретикулума эукариот или цитоплазматической мембране бактерий), это должно задавать, скорее всего, окончательный тип сворачивания, когда многие гидрофобные остатки экспонированы наружу молекулы; часто конформацией трансмембранных гидрофобных последовательностей таких белков является α -спираль (см., например, бактериородопсин).

Однако в случае белков, проходящих сквозь мембрану снова в водную фазу (межмембранный просвет эндоплазматического ретикулума эукариот, периплазматическое пространство грамотрицательных бактерий, или вообще наружу), ситуация оказывается более сложной. Здесь, по-видимому, осуществляется многоэтапное сворачивание белка, с вовлечением ко-трансляционного и пост-трансляционного процессинга полипептидной цепи и ее энзиматических ковалентных модификаций. Как бы то ни было, в случае водорастворимых секреторных белков, полипептидная цепь сначала оказывается в гидрофобном окружении липидного бислоя мембраны и сворачивается, по-видимому, без формирования компактного гидрофобного ядра, а затем, по выходе из мембраны, она вынуждена перестраиваться из этой промежуточной конформации в водорастворимую глобулу с гидрофобным ядром и полярной поверхностью.

Способы соединения рибосомы с мембраной

Идея о том, что синтез белков на мембраносвязанных рибосомах сопряжен с трансмембранным транспортом белков, возникла из наблюдений по тесной ассоциации растущих полипептидных цепей с мембраной шероховатого эндоплазматического ретикулума в эукариотических клетках или с внутренней цитоплазматической мембраной бактерий. Транслирующие рибосомы оказались прочно заякоренными на мембране растущим пептидом, и лишь обработка пуромицином, приводящая к аборту пептида из рибосомы, позволяла диссоциировать комплекс на интактные рибосомы и мембраны, оставляя пептид в мембране. Таким образом, стало ясно, что существенный вклад в ассоциацию транслирующей рибосомы с мембраной вносит сам растущий пептид. В бактериях разрыв этого якоря пуромицином приводит к немедленному освобождению рибосом от мембраны, откуда делается вывод, что растущие пептиды являются единственным прочным соединением полирибосом с цитоплазматической мембраной.

Однако в эукариотах рибосомы после разрыва пептидного якоря еще обнаруживают существенное сродство к мембране эндоплазматического ретикулума. В опытах *in vitro* полная диссоциация рибосом от мембран эндоплазматического ретикулума достигается лишь путем совместной обработки микросом пуромицином и высокой ионной силой. Можно показать также определенное сродство нетранслирующих рибосом или рибосом, только начав-

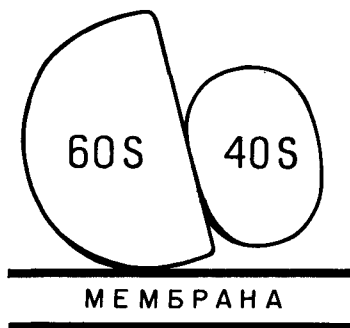


Рис. 126. Схема, демонстрирующая ориентацию субъединиц 80S рибосомы относительно поверхности мембраны эндоплазматического ретикулума (по P. N. Unwin, J. Mol. Biol., 1979, v. 132, p. 69–84)

ших трансляцию и содержащих короткий (не высовывающийся из рибосом) пептид, к мембранам эндоплазматического ретикулума. Отсюда предполагается, что в мембранах шероховатого эндоплазматического ретикулума существуют специальные «рецепторы» рибосом, обеспечивающие их обратимую посадку на мембрану и, возможно, облегчающие последующее восприятие растущего пептида мембраной (гипотетические «поры» для полипептидной цепи).

В мембранах шероховатого эндоплазматического ретикулума эукариотических клеток действительно были обнаружены два гликопротеида, названные *рибофоринами* I и II, которые всегда

сопровождают связанные рибосомы и локализуются в непосредственном соседстве с ними (они могут быть химически сшиты с рибосомами бифункциональными реагентами). Рибофорины имеют молекулярные массы 65 000 и 63 000 дальтон соответственно. Они являются трансмембранными белками. В опытах по реконструкции мембран из солюбилизованных детергентом смесей микросомных белков и фосфолипидов включение рибофоринов в мембрану коррелирует с восстановлением средства к рибосомам.

Уже давно было показано что во всяком случае эукариотические рибосомы прикрепляются к мембране своей большой (60S) субчастицей. По-видимому, существует специальный участок на 60S субчастице, который имеет сходство к мембране эндоплазматического ретикулума, и, таким образом, все рибосомы прикрепляются к мембране строго определенной точкой, в одной и той же ориентации. Эта ориентация такова, что ось, соединяющая большую субчастицу и малую субчастицу, приблизительно параллельна поверхности мембраны (рис. 126). Данные электронной микроскопии негативно контрастированных эукариотических рибосом указывают, что длинная ось малой субчастицы должна быть приблизительно параллельна поверхности мембраны, и заставляют предполагать, что прикрепление рибосомы к мембране должно, скорее всего, иметь место со стороны боковых выступов субъединиц (эквивалентных L1-гребню 50S субчастицы и платформе 30S субчастицы *E. coli*, см. Б.1.2); таким образом, район предполагаемого «кармана» для тРНК (см. рис. 86) и стержень большой субчастицы (см. Б.1.3), по-видимому, должны находиться на стороне, обращенной от мембраны.

Очевидно, что растущий пептид должен выходить из рибосомы где-то на стороне, контактирующей с мембраной. Прямые иммуноэлектронно-микроскопические попытки выявить место выхода синтезируемого белка (β -галактозидазы на 70S рибосомах *E. coli*

или рибулезо-1,5-дифосфат карбоксилазы на 80S рибосомах растения *Lemna gibba*) указали на район большой субчастицы, удаленный от головки (центрального протуберанца), вблизи щели, раздваивающей тело субчастицы (рис. 127).

N-концевая сигнальная последовательность растущего полипептида

Несмотря на тщательные поиски, не удалось найти сколько-нибудь достоверных различий ни в составе и структуре свободных и мембраносвязанных рибосом, ни в функциональных свойствах выделенных частиц. Во всех экспериментальных тестах рибосомы, выделенные из свободной полирибосомной и из микросомной фракций клеточного гомогената, оказались полностью эквивалентны и взаимозаменяемы.

Более того, хотя синтез мембранных и секреторных белков происходит на мембраносвязанных рибосомах, инициация их трансляции совершается на свободных частицах: «нативные» 40S частицы, начинающие инициацию, всегда свободны, и образующиеся в результате инициации 80S частицы также еще не прикреплены к мембранам. Присоединение к мембранам имеет место лишь через некоторое время после начала элонгации. Это понятно, так как решающую роль в закоривании рибосом на мембране играет растущий пептид.

Основываясь на ряде известных фактов и собственных наблюдений, Г. Блобель и Д. Сабатини в 1971 г. предположили, что мРНК, которым надлежит транслироваться мембраносвязанными рибосомами, имеют специальную последовательность сразу вслед за иницирующим кодоном, которая кодирует особую N-концевую последовательность растущего пептида, служащую сигналом для узнавания мембраной или фактором, посредничающим между рибосомой и мембраной. Таким образом, если рибосома транслирует данную мРНК, кодирующую секреторный или мембранный белок, то через определенное время после инициации трансляции из рибосомы высунется N-концевая часть растущего пептида, несущая сигнал для присоединения к мембране; рибосома станет

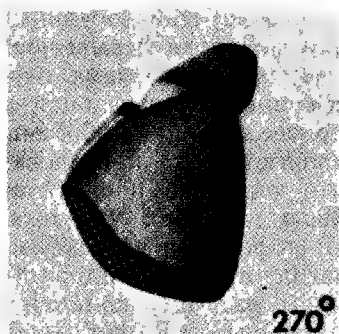
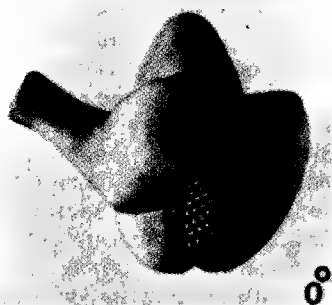


Рис. 127. Предполагаемый район места выхода растущего пептида, показанный в виде заштрихованной поверхности на модели 60S субчастицы (в двух проекциях) (по С. Bernabeu, J. A. Lake Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1982, v. 79, p. 3111–3115; С. Bernabeu et al. J. Cell. Biol., 1983, v. 96, p. 1471–1474)

мембраносвязанной. Если N-конец растущего пептида не несет такой сигнальной последовательности, как в случае водорастворимых белков цитоплазмы, то соответствующие рибосомы (полирибосомы) будут оставаться свободными в течение элонгации.

Почти одновременно появились независимые экспериментальные указания на существование специальных N-концевых последовательностей у новосинтезированных полипептидных цепей некоторых секреторных белков эукариотических клеток; эти последовательности оказались временными, т.е. они отщеплялись в мембране еще до завершения синтеза белка. Так, трансляция мРНК легкой цепи иммуноглобулина в бесклеточной системе на свободных рибосомах давала в результате полипептид, имеющий лишнюю последовательность на N-конце, по сравнению с аутентичной легкой цепью иммуноглобулина; трансляция той же мРНК в присутствии микросом давала нормальный продукт. Было сделано заключение, что трансляция первых кодонов мРНК приводит к синтезу N-концевой сигнальной последовательности, которая определяет присоединение рибосомы к мембране; в течение дальнейшей элонгации эта последовательность отщепляется на мембране, так что конечный продукт оказывается лишенным ее. Вслед за этим было показано, что такая N-концевая последовательность богата гидрофобными аминокислотными остатками; было естественно заключить, что гидрофобный характер сигнальной последовательности растущей полипептидной цепи способствует взаимодействию полипептида с мембраной.

С тех пор в отношении многих секреторных белков эукариот (например, легкая и тяжелая цепи иммуноглобулина, сывороточный альбумин, проколлаген, утероглобин, казеины, α -лактальбумин и β -лактальбумин молока, овомукоид, лизоцим и кональбумин яичного белка, трипсиноген, проинсулин и другие пептидные гормоны, и т.д.) были получены данные о том, что они начинают синтезироваться с добавочной N-концевой последовательностью, длиной от 15 до 30 аминокислотных остатков (табл. 3), которая затем отщепляется в ходе синтеза на мембране. Если трансляция соответствующих мРНК проходит в бесклеточной системе в отсутствие мембран, то синтезируются удлиненные продукты, получившие название пребелков. Отщепление N-концевой сигнальной последовательности, как правило, не происходит, если мембраны (микросомная фракция) добавлены в систему после завершения синтеза пребелка или даже на поздних стадиях элонгации. Только когда мембраны присутствуют в системе с самого начала синтеза или когда они добавлены **вскоре** после выхода N-концевой части полипептида из рибосомы, может происходить присоединение рибосомы к мембране, погружение в нее растущего пептида и отщепление сигнальной последовательности. По-видимому, рост пептида в водной среде свыше какого-то размера приводит к его сворачиванию, экранирующему гидрофобную N-концевую часть от взаимодействия с мембраной и от расщепления.

Таблица 3. N-концевые сигнальные последовательности некоторых белков

Белок	N-концевая последовательность	-25	-20	-15	-10	-5	+1	точка расщепления
Пре- κ -иммуноглобулин, легкая A-цепь (мышь)								
Пре-альбумин (краса)								
Пре- α_1 -SI-казеин (овца)								
Пре-кональбумин (щипленок)								
Пре-пиозим (щипленок)								
Пре-овомуконд (щипленок)								
Пре-и-терферон (человек)								
Пре-мелитин (пчела)								
Пре-проинсулин I (краса)								
Пре-простой гормон (краса)								
Пре-пропаратиронидный гормон (бык)								
Пре-просоматогастин (краса)								
Пре-триптоген (VS вирус)								
Пре-гемагглютинин (вирус гриппа Jар)								
Пре-фосфатаза, желочная (E.coli)								
Пре-пенициллиназа (E.coli)								
Пре-липопротеид (E.coli)								
Овальбумин (щипленок)								
Неотензины								
MetGlySerIleGlyAlaAlaSerMetGluPheCysPheAspValPheLysGluLeuLysValHisAlaGluAsnIlePheTyrCys								

Похожая добавочная N-концевая последовательность оказалась свойственной и растущим цепям ряда бактериальных белков, выводимых (экспортируемых) из цитоплазмы (см. табл. 3). В случае грамотрицательных бактерий этот экспорт белков происходит либо в периплазматическое пространство (например, щелочная фосфатаза, мальтозосвязывающий белок, арабинозосвязывающий белок, пенициллиназа), либо далее во внешнюю мембрану (липопротеид внешней мембраны, λ -рецептор). Начало синтеза секретируемых белков приводит, по-видимому, к взаимодействию их гидрофобной N-концевой последовательности с внутренней цитоплазматической мембраной бактериальной клетки, так что они далее синтезируются на мембраносвязанных рибосомах. В течение элонгации (или в некоторых случаях после нее) может происходить отщепление N-концевой последовательности. По завершении синтеза, после терминации трансляции, готовый белок проваливается в периплазматическое пространство и далее, в зависимости от гидрофобности (гидрофильности) своей поверхности, либо остается в периплазматическом пространстве как водорастворимый белок, либо интегрируется во внешнюю мембрану. Здесь, как видно, имеется большая аналогия с ситуацией для секретируемых белков в эукариотических клетках.

Более того, имеются основания утверждать, что, по крайней мере, самые фундаментальные механизмы сигнального пептид-мембранного узнавания и последующего внутримембранного пептидного отщепления являются общими для эукариот и прокариот. В самом деле, бактерии, несущие рекомбинантные плазмиды с генами эукариотических секретируемых белков, могут синтезировать эти белки и эффективно секретировать их сквозь цитоплазматическую мембрану из клетки, специфически отщепляя аминокислотный сигнальный сегмент. Например, крысиный препроинсулин, синтезируемый в *E. coli*, правильно процессируется в проинсулин, и последний секретируется из бактериальной цитоплазмы в периплазматическое пространство.

Кроме секретируемых белков, растущие полипептидные цепи ряда встроенных в мембрану белков также характеризуются временной сигнальной N-концевой последовательностью. Одним из первых изученных примеров такого рода был гликопротеид вируса везикулярного стоматита, который вместе с хозяйской мембраной участвует в построении вирусной оболочки. Этот белок, как оказалось, синтезируется с N-концевой сигнальной последовательностью, очень похожей на таковую секретируемых пребелков; сигнальная последовательность необходима для присоединения транслирующей рибосомы к мембране эндоплазматического ретикула; дальнейший синтез белка идет, таким образом, на мембраносвязанных рибосомах; в ходе элонгации N-концевая последовательность из 16 аминокислотных остатков отщепляется в мембране. Другими словами, все это не отличимо от ситуации в случае водорастворимых секретируемых белков. Однако, в отличие от секретируемых белков, здесь окончательный продукт после термина-

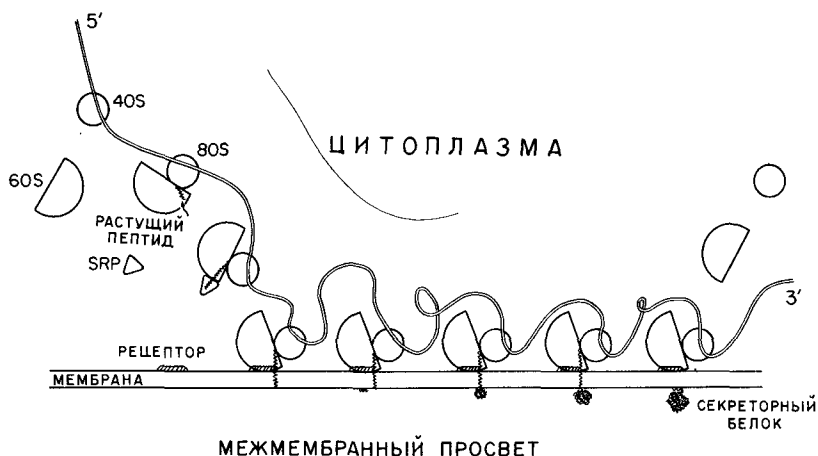


Рис. 128. Схема мембраносвязанной полирибосомы.

ции трансляции не проходит далее сквозь мембрану, а остается вставленным в мембрану как трансмембранный белок. Можно привести еще ряд аналогичных примеров интегральных мембранных белков, синтезируемых с отщепляемой N-концевой сигнальной последовательностью (гемагглютинин вируса гриппа, тяжелая цепь антигенов гистосовместимости А и В, гликофорин А красных кровяных клеток, цитохром Р-448 и т. д.). Получается, что в синтезе как секреторных, так и интегральных мембранных белков используется один и тот же механизм сигнального пептид-мембранного узнавания, вхождения растущего пептида в мембрану и затем отщепления N-концевого сигнального фрагмента, но терминация трансляции может приводить либо к прохождению конечного продукта сквозь мембрану в случае водорастворимых секреторных белков, либо к его «солюбилизации» в мембране в случае более гидрофобных белков, предназначенных для внутримембранной локализации. Белки, оставшиеся в мембране эндоплазматического ретикулума, далее могут подвергаться посттрансляционному транспорту через секреторные пузырьки в мембранные структуры других типов, включая клеточную плазматическую мембрану.

Схема мембраносвязанной полирибосомы, демонстрирующая инициацию на свободных частицах, прикрепление частиц к мембране через посредство сигнальной N-концевой последовательности, отщепление сигнального пептида и терминацию, дана на рис. 128.

Примеры отщепляемых N-концевых последовательностей секреторных и мембранных пребелков даны в табл. 3. Как уже указывалось, все они носят сильно гидрофобный характер. Наиболее гидрофобная область (чаще всего сплошь гидрофобная) лежит приблизительно в середине отщепляемой последовательности; это гидрофобное «ядро» обычно включает около десятка аминокислотных остатков. Последний аминокислотный остаток отщепля-

емой последовательности, т. е. место расщепления, характеризуется, как правило, малыми размерами: это могут быть либо Gly, либо Ala (гораздо реже — Ser или Cys), за ним часто (но далеко не всегда) следует заряженная аминокислота. Однако никакого очевидного сходства или гомологии аминокислотных последовательностей отщепляемых сигнальных пептидов, кроме их вообще сильно гидрофобного характера, заметить не удастся. В связи с этим можно думать, что главным в сигнальном пептид-мембранном узнавании и вхождении пептида в мембрану является какая-то общая конформация гидрофобного N-концевого пептида, высовывающегося из рибосомы. Наиболее благоприятной конформацией гидрофобной последовательности для взаимодействия с гидрофобным окружением могла бы быть α -спираль.

Несмотря на большое количество примеров, когда секреторные и внутримембранные белки синтезируются с **отщепляемой** сигнальной N-концевой последовательностью, это, по-видимому, не есть общее правило. Некоторые белки, как оказалось, тоже синтезируются на мембраносвязанных рибосомах, но **без отщепления** N-концевой или какой-либо иной сигнальной последовательности. К ним относится такой типичный секреторный белок, как овальбумин, а также мембранные белки цитохром Р-450, эпоксидгидратаза, ретикулярный опсин, гликопротеид РЕ₂ вируса Синдбис. В этих случаях растущая полипептидная цепь тоже, по-видимому, имеет сигнальную последовательность, индуцирующую присоединение транслирующей рибосомы к мембране эндоплазматического ретикула и ко-трансляционный транспорт белка в мембрану, но без сопутствующего процессинга. Для цитохрома Р-450 показано, что его N-концевая последовательность гидрофобна и напоминает сигнальную, но она сохраняется у зрелого белка. Однако N-концевые последовательности овальбумина и опсина не похожи на обычную сигнальную последовательность. Возможно, что либо сигнальную роль здесь выполняют специальные внутренние гидрофобные участки растущего полипептида, либо не столь гидрофобная N-концевая последовательность тоже в каких-то случаях может служить сигналом для присоединения к мембране. Как и в других случаях, взаимодействие с мембраной возможно лишь в течение трансляции, но не после нее; очевидно, сворачивание завершенной цепи как-то блокирует (экранирует) сигнальную функцию соответствующего участка.

Следует отметить, что не все мембранные белки синтезируются на мембраносвязанных рибосомах и, следовательно, входят в мембрану ко-трансляционно. Например, цитохром b₅ и NADH-цитохром-b₅-редуктаза синтезируются на свободных рибосомах и инкорпорируются в мембраны посттрансляционно. Эти белки, будучи освобождены из рибосом в цитоплазму в виде завершенных цепей, имеют высокое сродство к мембранам (возможно, за счет гидрофобного С-концевого домена) и легко вступают с ними во взаимодействие в их свернутом виде, независимо от рибосом.

Итак, появление гидрофобной последовательности растущего пептида, торчащей из рибосомы, приводит к ее присоединению к мембране. Встает вопрос, узнается ли эта гидрофобная последовательность непосредственно мембраной, или же соединение растущего пептида, высунувшегося из рибосомы, с мембраной осуществляется через посредничество какого-либо вспомогательного узнающего компонента.

Оказалось, что в эукариотических клетках рибосома с экспонированной сигнальной последовательностью растущего пептида действительно сначала взаимодействует со специальной малой частицей, получившей название *сигналузнающей частицы* или SRP. Частица представляет собой 11S рибонуклеопротеид, содержащий 7S РНК длиной около 300 нуклеотидов и шесть белков (полипептидов) с молекулярными массами 72000, 68000, 54000, 19000, 14000 и 9000 дальтон; все эти компоненты находятся в частице в эквимольных количествах, по одному на частицу. Частицы, по-видимому, универсальны, во всяком случае среди эукариот. Они имеют определенное сродство к мембране эндоплазматического ретикула, так что могут находиться с ней в лабильной и обратимой ассоциации, хотя значительная их часть представляет собой растворимый цитоплазматический компонент. Кроме того, они имеют некоторое, относительно небольшое, сродство и к рибосомам. Присутствие на рибосоме сигнального пептида повышает сродство рассматриваемых частиц к рибосоме на несколько порядков.

Узнавание сигнального пептида и присоединение 11S частицы к рибосоме имеет ряд последствий. Во-первых, происходит остановка элонгации пептида на рибосоме. Во-вторых, индуцируется присоединение транслирующей рибосомы к мембране.

С другой стороны, на мембране эндоплазматического ретикула эукариотических клеток имеется специальный рецептор, воспринимающий сигналузнающую частицу в комплексе с рибосомой. Рецептор оказался белком с молекулярной массой 72000 дальтон, частично погруженным в мембрану, в то время как основной его домен обращен в цитоплазму и служит непосредственным «причалом» для сигналузнающей частицы. Он получил название «причалного белка». Взаимодействие ассоциированной с рибосомой сигналузнающей частицы с «причалным белком» мембраны снимает запрет с элонгации; синтез пептида возобновляется. Теперь, однако, растущий пептид торчит уже не в водную фазу, а непосредственно в мембрану; дальнейшая элонгация приводит к его погружению и вхождению в мембрану прямо из рибосомы, минуя водное окружение цитоплазмы. Происходит так называемая ко-трансляционная транслокация полипептида через мембрану. Более детальные механизмы вхождения полипептида в мембрану и, в случае секреторных белков, его прохождения через нее не известны.

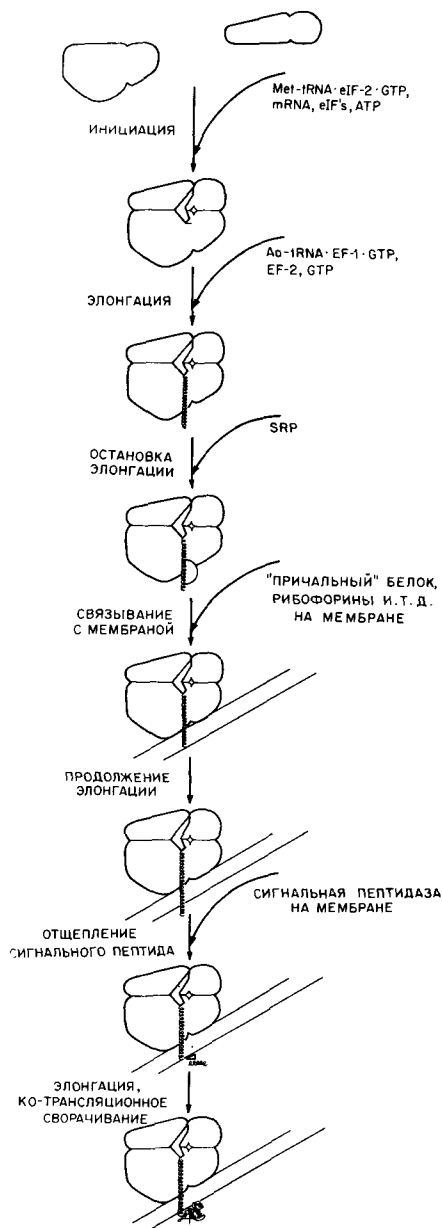


Рис. 129. Схема последовательности событий в процессе присоединения эукариотической рибосомы к мембране

Пептидаза, отщепляющая сигнальный пептид, не обнаруживается на цитоплазматической стороне мембраны; фермент локализован на противоположной стороне мембраны (со стороны мембранного просвета в случае эндоплазматического ретикулума эукариотических клеток). Похоже, что сигнальная пептидаза вступает в действие на поздних стадиях элонгации, когда пептид «прошивает» мембрану и оказывается в контакте с ее противоположной (нецитоплазматической) поверхностью. Кажется вероятным, что отщепление сигнального пептида нужно для высывывания N-концевой части белковой молекулы в водную фазу и соответствующей реорганизации сворачивания в глобулярный наружный внецитоплазматический домен (в случае трансмембранных белков) или в глобулярную структуру в целом (в случае секреторных белков).

Таким образом, последовательность событий может быть представлена следующим образом (рис. 129). Синтез белка, предназначенного для секреции или для трансмембранной установки, начинается на свободных рибосомах. В процессе наращивания первых 30–40 аминокислотных остатков пептид еще не высвывается из рибосом. Далее, в случае секретлируемых или трансмембранных белков, из рибосомы начинает показываться гидрофобная сигнальная последовательность. Когда сигнальная последовательность, торчащая из рибосомы, достигает длины 15–30 аминокислотных остатков, т. е. когда растущий пептид в целом достигает длины около

60—70 остатков, сигнализующая 11S рибонуклеопротеидная частица (SRP) присоединяется к рибосоме и останавливает элонгацию. Эта остановка трансляции продолжается до тех пор, пока не осуществится контакт с «причалным белком» (его цитоплазматическим доменом) мембраны эндоплазматического ретикула. Элонгация теперь восстанавливается, и растущий пептид входит, по мере роста, непосредственно в мембрану (ко-трансляционная транслокация пептида через мембрану).

Следует подчеркнуть, что остановка элонгации по выходе сигнальной последовательности из рибосомы представляется очень важной для нормальной секреции (или вхождения в мембрану) синтезируемого белка. В самом деле, если бы не было остановки, то продолжающаяся элонгация могла бы привести к дополнительному сворачиванию торчащего растущего пептида в водной фазе клетки и, как результат, «упрятыванию» сигнальной последовательности; это сделало бы невозможным его узнавание мембраной и последующую секрецию. Следовательно, остановка элонгации обеспечивает необходимое «ожидание» сигнальной последовательности в нужной экспонированной конформации для «причаливания» к мембране.

Отщепление сигнальной последовательности у люминальной стороны мембраны, обращенной в межмембранный просвет эндоплазматического ретикула, по-видимому, приводит к тому, что гидрофобность растущего пептида уменьшается, и его пребывание в липидном бислое становится менее выгодным, чем переход в водную фазу межмембранного просвета. Соответственно, в зависимости от аминокислотного состава и последовательности, в водную фазу будут вытолкнуты либо лишь его водорастворимая часть (скажем, N-концевая часть), как в случае многих трансмембранных белков, либо весь белок по завершении его синтеза, как в случае секреторируемых белков. Естественно, переход в водную фазу должен сопровождаться перестройкой пространственной структуры, приобретающей глобулярную конформацию (гидрофобные остатки обращаются внутрь глобулы или глобулярного домена, в то время как гидрофильные экспонируются наружу).

Секреторные белки, накапливающиеся в межмембранном просвете (цистерновом пространстве) эндоплазматического ретикула, далее транспортируются к аппарату Гольджи, концентрируются в секреторных гранулах и, наконец, выводятся посредством механизма экзоцитоза.

3. КО-ТРАНСЛЯЦИОННЫЕ МОДИФИКАЦИИ БЕЛКА

Вылезание растущего пептида из рибосомы и его ко-трансляционное сворачивание в водной среде или прохождение через мембрану сопровождается большими или меньшими энзиматическими модификациями цепи.

В прокариотах, а также в митохондриях и хлоропластах эукарио-

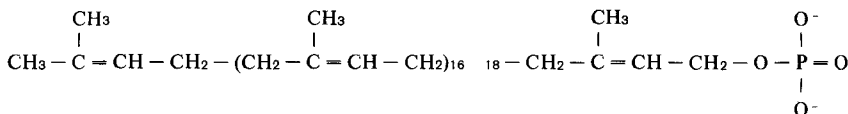
тических клеток синтез любого пептида на рибосоме начинается с формилметионинового остатка (гл. В. VI). Однако в готовых белках формильная группа не обнаруживается, а метионин является N-концевым остатком только у части белков. Оказалось, что в прокариотической клетке (так же как и в митохондриях и хлоропластах) существует специальная *деформилаза*, которая гидролитически отщепляет формильную группу от концевого метионина вскоре после появления N-конца растущего пептида из рибосомы. В прокариотах и в эукариотах существует также метионинспецифическая *аминопептидаза*, способная отщеплять N-концевой метионин, но ее срабатывание зависит, по-видимому, от ко-трансляционного сворачивания растущего пептида. Во всяком случае, в некоторых белках N-концевой метионин сохраняется, и происходит это, как считают, в результате его недоступности из-за каких-то конформационных особенностей N-концевой части растущего пептида.

Выше уже говорилось о ко-трансляционном протеолитическом отщеплении сигнальной гидрофобной последовательности ряда секреторных и трансмембранных белков эукариот. *Сигнальная пептидаза* локализована в мембране на ее стороне, обращенной от цитоплазмы (т. е. на люминальной стороне мембраны эндоплазматического ретикула эукариотической клетки). По типу действия она оказалась эндопептидазой. Характерным местом расщепления полипептидной цепи сигнальной пептидазой является пептидная связь у малого остатка, такого как Cys или Ala, реже Ser или Cys, с его C-стороны (часто, но далеко не всегда, за ним следует заряженный остаток, такой как Arg, Lys, His, Asp). Кроме того, район расщепления должен быть как-то отмечен более открытой конформацией пептида в этом месте. Отщепление сигнального пептида — необходимая предпосылка для последующего выхода растущего пептида в водное замембранное пространство и его ко-трансляционного сворачивания там.

Очевидно, что важную роль в ко-трансляционном сворачивании белка может играть образование дисульфидных связей между цистеиновыми остатками. Дисульфидные связи, скрепляющие третичную структуру, особенно распространены у секреторных белков эукариот. Наоборот, внутриклеточные белки чаще характеризуются свободными сульфгидрильными группами цистеиновых остатков. Действительно, условия внеклеточной среды, по сравнению с внутриклеточной, являются более окислительными. Дисульфидные связи, по-видимому, могут завязываться между цистеиновыми остатками растущей полипептидной цепи уже по мере ее прохода через мембрану в межмембранный просвет. Такие связи могут возникать спонтанно при достаточно окислительных условиях среды. Однако, во-первых, скорость спонтанного образования дисульфидных связей в белке, по сравнению со скоростью его синтеза и сворачивания, не велика; во-вторых, в процессе сворачивания всегда существует вероятность образования дисульфидных связей между не теми остатками цистеина, которые должны образовать мостики в законченной свернутой белковой молекуле. Более 20 лет назад

было открыто, что в эндоплазматическом ретикулуме животных клеток содержится фермент, катализирующий образование дисульфидных связей в белках. На самом деле, ускоряя как прямую, так и обратную реакцию, фермент катализировал тиол-дисульфидный обмен, тем самым приводя не только к быстрому образованию дисульфидных связей, но и к быстрой замене неправильных или промежуточных (ненативных) связей на правильные в ходе сворачивания белка. Таким образом, фактически катализировался процесс сворачивания дисульфидсшитых белков. Фермент может быть обозначен как *дисульфидизомераза белков*. Он очень лабильно ассоциирован с люминальной поверхностью мембраны, обращенной в межмембранный просвет эндоплазматического ретикулума, и не исключено, что он может присутствовать в межмембранном просвете в растворимой форме. Можно думать, что в процессе синтеза белка и выхода растущей полипептидной цепи в межмембранный просвет дисульфидизомераза катализирует ко-трансляционное образование внутридоменных дисульфидных связей и их перебор в ходе формирования правильной третичной структуры высунувшегося домена.

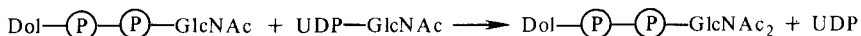
Один из наиболее важных и интересных типов ко-трансляционной модификации — первичное, или так называемое «сердцевинное» *N-гликозилирование* некоторых аспарагиновых остатков растущих цепей ряда трансмембранных и секретируемых белков в мембранах эндоплазматического ретикулума эукариотических клеток. *N-гликозилирование* представляет собой перенос углеводной (олигосахаридной) группы от полипренольного липида мембраны — долихилдифосфата — на амидную группу аспарагинового остатка растущего пептида. Общая схема процесса выглядит так. Долихилфосфат



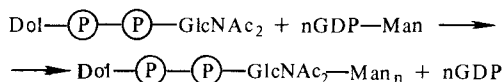
представляет собой мембраносвязанный липидный акцептор, на котором строится олигосахаридная группа. Сначала долихилфосфат, реагируя с уридиндифосфат-*N*-ацетилглюкозаминном (UDP-GlcNAc), акцептирует остаток *N*-ацетилглюкозаминфосфата:



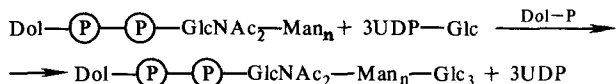
В следующей реакции добавляется еще один остаток *N*-ацетилглюкозамина:



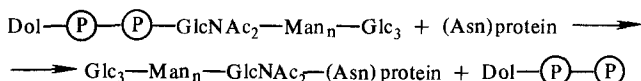
Затем в серии последовательных реакций гликозилированный долихилдифосфат реагирует с гуанозиндифосфатманнозой (GDP-Man), в результате чего на первых углеводных остатках нарастается разветвленный полиманнозид:



Наконец, к нему от уридиндифосфатглюкозы (UDP-Glc) добавляются еще остатки глюкозы:



Именно этот олигосахарид и переносится соответствующей гликозилтрансферазой на аспарагиновый остаток растущего пептида:



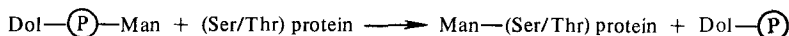
Вслед за этим глюкозные остатки частично удаляются гликозидазами.

Однако в завершенных белках такой олигосахаридной структуры, как правило, не встречается. Оказывается, эта структура представляет лишь промежуточную в общем процессе N-гликозилирования белка. Дело в том, что вслед за описанным ко-трансляционным этапом следует посттрансляционный этап, который осуществляется в основном по поступлению синтезированного белка в аппарат Гольджи. Посттрансляционный этап приводит к удалению глюкозы и последовательному частичному отщеплению остатков маннозы, а затем часто к добавлению остатков N-ацетилглюкозамина, галактозы и сиаловой кислоты, а иногда также фукозы и ксилозы; в конце концов получается разветвленный гетероолигосахаридный остаток, присоединенный к амидной группе аспарагина соответствующего готового белка.

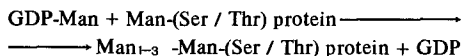
У грибов ко-трансляционное гликозилирование на мембране с участием долихилфосфата может идти не только по аспарагиновым остаткам (N-гликозилирование), но и по остаткам серина и треонина (O-гликозилирование). В этом случае сначала долихилфосфат акцептирует остаток маннозы от гуанозиндифосфатманнозы:



Остаток маннозы соответствующей гликозилтрансферазой переносится на оксигруппу серина или треонина растущей пептидной цепи:



Уже после завершения трансляции, в аппарате Гольджи другая гликозилтрансфераза наращивает углеводный остаток пептидной цепи еще несколькими остатками маннозы, перенося их от гуанозиндифосфатманнозы:



O-гликозилирование белков по остаткам серина и треонина в животных и растительных клетках идет по другому механизму. Оно всегда, по-видимому, является лишь посттрансляционным процессом и происходит в аппарате Гольджи.

Важно подчеркнуть, что ко-трансляционное гликозирование растущих цепей вовсе не необходимо для их вхождения в мембрану эндоплазматического ретикулаума. Более того, это гликозирование происходит **после** прохождения дистальной части растущего пептида сквозь мембрану, на стороне мембраны, обращенной в межмембранный просвет. Соответственно, каждый акт гликозирования (если имеется несколько точек гликозирования вдоль полипептидной цепи) имеет место только после того, как достигнута определенная длина соответствующего отрезка полипептидной цепи, необходимая, чтобы акцепторный Asp достиг межмембранного просвета.

Специфической модификацией полипептидных цепей при синтезе коллагена в клетках соединительных тканей (фибробластах) животных является *гидроксилирование* пролиновых и лизиновых остатков. Этот процесс, по крайней мере частично, также котрансляционный. Проллил-4-гидроксилаза, пролил-3-гидроксилаза и лизил-гидроксилаза, как было показано, — мембраносвязанные ферменты, способные превращать остатки пролина и лизина растущих полипептидных цепей коллагена в остатки *4-транс-гидроксипролина*, *3-транс-гидроксипролина* и *5-гидроксизина*, соответственно. Дальнейшая модификация полипептидных цепей коллагена включает, в частности, О-гликозирование оксизиноновых остатков.

Рекомендуемая литература

Биосинтез белка и его регуляция: Пер. с англ./Под ред. Я. М. Варшавского. М.: Мир, 1967. С. 194—204.

Freedman R. B., Hawkins H. C., eds. The Enzymology of Post-translational Modifications of Proteins. — L.-N.Y.: Acad. Press, 1980, v. 1, p. 3—212.

Hand A. R., Oliver C., eds. Basic mechanisms of cellular secretion. Methods in Cell Biology. — N.Y.-L.: Acad. Press, 1981, v. 23.

Manson L. A., ed. Biomembranes. — N.Y.-L.: Plenum Press, 1971, v. 2, p. 193—195.

Zimmerman M., Mumford R. A., Steiner D. F., eds. Precursor processing in the biosynthesis of proteins. — Ann. N. Y. Acad. Sci., N. Y., 1980, v. 343.

Blobel G., Dobberstein B. Transfer of protein across membranes. I. Presence of proteolytically processed and unprocessed nascent immunoglobulin light chains on membrane-bound ribosomes by murine myeloma. II. Reconstitution of functional rough microsomes from heterologous components. — J. Cell Biol., 1975, v. 67, p. 835—862.

Blobel G., Sabatini D. D. Controlled proteolysis of nascent polypeptides in rat liver cell fractions. I. Location of the polypeptides within ribosomes. — J. Cell Biol., 1970, v. 45, p. 130—145.

Ganoza M. C., Williams C. A. *In vitro* synthesis of different categories of specific protein by membrane-bound and free ribosomes. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1969, v. 63, p. 1370—1376.

Goldberger R. F., Epstein C. J., Anfinsen C. B. Acceleration of reactivation of reduced bovine pancreatic ribonuclease by a microsomal system from rat liver. — J. Biol. Chem., 1963, v. 238, p. 628—635.

Hamlin J., Zabin I. β -Galactosidase: Immunological activity of ribosome-bound, growing polypeptide chains. — Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1972, v. 69, p. 412—416.

Henderson R., Unwin P. N. T. Three-dimensional model of purple membrane obtained by electron microscopy. — Nature, 1975, v. 257, p. 28—32.

Hubbard S. C., Ivatt R. J. Synthesis and processing of asparagine-linked oligosaccharides. — Ann. Rev. Biochem., 1981, v. 50, p. 555—583.

Inouye M., Halegoua S. Secretion and membrane localization of proteins in *Escherichia coli*. — CRC Crit. Rev. Biochem., 1980, v. 7, p. 339—371.

Jackson R. C., Blobel G. Post-translational cleavage of presecretory proteins with an extract of rough microsomes from dog pancreas containing signal peptidase activity. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1977, v. 74, p. 5598–5602.

Malkin L. I., Rich A. Partial resistance of nascent polypeptide chains to proteolytic digestion due to ribosomal shielding. – J. Mol. Biol., 1967, v. 26, p. 329–346.

Meyer D. I., Krause E., Dobberstein B. Secretory protein translocation across membranes – the role of the 'docking protein'. – Nature, 1982, v. 297, p. 647–650.

Milstein C., Brownlee G. C., Harrison T. H., Mathews M. B. A possible precursor of immunoglobulin light chains. – Nature New Biol., 1972, v. 239, p. 117–120.

Palade G. Intracellular aspects of the process of protein synthesis. – Science, 1975, v. 189, p. 347–358.

Phillips D. C. The hen egg-white lysozyme molecule. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1967, v. 57, p. 484–495.

Rothman J. E., Lenard J. Membrane asymmetry. – Science, 1977, v. 195, p. 743–753.

Sabatini D. D., Blobel G. Controlled proteolysis of nascent polypeptides in rat liver cell fractions. II. Location of the polypeptides in rough microsomes. – J. Cell Biol., 1970, v. 45, p. 146–157.

Sabatini D. D., Kreibich G., Morimoto T., Adesnik M. Mechanisms for the incorporation of proteins in membranes and organelles. – J. Cell Biol., 1982, v. 92, p. 1–22.

Siekevitz P., Palade G. E. A cytochemical study on the pancreas of the guinea pig. V. *In vivo* incorporation of leucine-1- C^{14} into the chymotrypsinogen of various cell fractions. – J. Biophys. Biochem. Cytol., 1960, v. 7, p. 619–630.

Smith W. P., Tai P.-C., Davis B. D. Nascent peptide as sole attachment of polysomes to membranes in bacteria. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1978, v. 75, p. 814–817.

Smith W. P., Tai P.-C., Davis B. D. Interaction of secreted nascent chains with surrounding membrane in *Bacillus subtilis*. – Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A., 1978, v. 75, p. 5922–5925.

Strauss A. W., Boime J. Compartmentation of newly synthesized proteins. – CRC Crit. Rev. Biochem., 1982, v. 9, p. 205–235.

Venetianer P., Straub F. B. The enzyme reactivation of reduced ribonuclease. – Biochim. Biophys. Acta, 1963, v. 67, p. 166–168.

Walter P., Blobel G. Translocation of proteins across the endoplasmic reticulum. III. Signal recognition protein (SRP) causes signal sequence-dependent and site-specific arrest of chain elongation that is released by microsomal membranes. – J. Cell Biol., 1981, v. 91, p. 557–561.

Walter P., Blobel G. Signal recognition particle contains a 7S RNA essential for protein translation across the endoplasmic reticulum. – Nature, 1982, v. 209, p. 691–698.

Walter P., Ibrahimi I., Blobel G. Translocation of proteins across the endoplasmic reticulum. I. Signal recognition protein (SRP) binds to in-vitro-assembled polysomes synthesizing secretory protein. – J. Cell Biol., 1981, v. 91, p. 545–550.

Wickner W. The assembly of proteins into biological membranes: The membrane trigger hypothesis. – Ann. Rev. Biochem., 1979, v. 48, p. 23–45.

Предметный указатель

- Абрин** — см. Токсины растительные
- Адаптация набора тРНК** 212
- Адапторная гипотеза** 28–29, 154
- Аденозин 5'-трифосфат (АТФ)**
в активации аминокислот 7–8, 41–43, 59–61
в бесклеточных системах трансляции 57–58
в инициации трансляции у эукариот 249, 250–252
в мышечном сокращении 206
в фосфорилировании eIF-2 261–262
см. также Фосфорилирование факторов трансляции
- АДФ-рибозилирование EF-2**
дифтерийным токсином 214–216
экзотоксином из *Pseudomonas aeruginosa* 216–217
эндогенное 219–220
- Акридиновые красители, индукция мутаций** 13
- Аминоациладенилат** 42–43, 46–47
- Аминоацилирование тРНК**
коррекция ошибок («редактирование») 46
ошибки (ложное ацилирование) 46–47
последовательность событий 44–45
специфичность по отношению к аминокислоте 45–46
специфичность по отношению к тРНК 46–48
химия реакций 41–44
см. также Аминоацил-тРНК-синтетазы
- Аминоацил-тРНК**
аминокислотные остатки, связанные с 2'- и 3'-положениями рибозы концевой аденозина 43, 184–185
в бесклеточных системах трансляции 57–58
взаимодействие с EF-T_u (EF-1) 134–135, 142, 160–162, 163–165, 184–185
в реакции транспептидации 59–60, 134, 135, 148–149, 183–186, 190
как интермедиат в переносе аминокислот в полипептидную цепь 8–9, 28–29
кодонзависимое связывание с рибосомой 134–136, 142, 154–155, 163–168, 174–182, 197–198
конкуренция с фактором терминации 268
неэнзиматическое (бесфакторное) связывание с рибосомой 165, 179, 204
образование — см. Аминоацилирование тРНК
положение на рибосоме — см. Аминоацил-тРНК связывающий участок (А-участок)
положение относительно пептидил-тРНК 160
роль в ложном кодировании 168, 171, 175–176
сканирование рибосомой 177
Аминоацил-тРНК-связывающий участок (А-участок)
вклад EF-T_u 160–161, 162–165, 179–181
влияние Р-участка 142–143, 160
ингибиторы 165–168
кодон-антикодоновое взаимодействие 155, 159–160, 161, 170–171, 174–175, 179
локализация на субчастицах рибосомы 142, 171
необратимое запираание тРНК 175–176, 178, 181
определение 134–135
ориентация тРНК 159–160
предварительное (промежуточное) связывание тРНК 164, 177–178, 181
расположение на рибосоме 143–144
связывание пептидил-тРНК 135, 196
связывание факторов терминации 268, 269
сродство к тРНК 142, 170–171, 208
участие рибосомных белков 143, 171
- Аминоацил-тРНК-синтетазы**
катализируемые реакции 41–43
компартиментализация на полирибосомах (у эукариот) 41
кооперативность связывания субстрата 44
многоферментные комплексы (у эукариот) 41
молекулярные свойства 39–40
неспецифическая РНК-связывающая способность (у эукариот) 41
открытие 29
специфичность к субстрату 45–48
субстратсвязывающие участки 40
субъединичная структура 39–40

- Аминогексо-пиримидин-нуклеозидные антибиотики 190
- Аминогликозидные антибиотики 167, 168, 170, 180–181
- Аминокислоты
- активация АТФ и акцептирование тРНК 7–8, 41–43
 - специфичность аминоацилирования тРНК 45–46
 - структура и соответствие кодам 12–13
- Аминопептидаза, метионинспецифическая 224, 286
- Амицетин 189, 190, 268
- Анизомицин 190–191
- Антивирусный белок лаконоса 218
- Антикодон
- адапторная роль 28–29, 154
 - аланиновой тРНК 30
 - валиновой тРНК 168–169
 - взаимодействие с комплементарными антикодонами 174–175
 - глутамил-тРНК 175
 - изолейциновой тРНК 157, 168–169
 - инициаторной тРНК_f 222–223
 - лейциновой тРНК 29, 157, 168–169, 175
 - лизинной тРНК 175
 - митохондриальных тРНК 158
 - основание в первом положении 156–159
 - ошибочное спаривание с кодами 168–170
 - положение во вторичной структуре тРНК 34, 35–36, 223, 246
 - положение в первичной структуре тРНК 30
 - положение в третичной структуре тРНК 37–39
 - сериновой тРНК 158, 168–169
 - сшивка с рибосомной РНК 141
 - тирозиновой тРНК 154, 168–169
 - трехмерная структура 36–37, 223
 - триптофановой тРНК 172
 - участие в узнавании тРНК аминоацил-тРНК-синтетазой 48
 - фенилаланиновой тРНК 37–38
- Ассоциация рибосомных субчастиц 62–63, 66–67, 119–122, 225, 229–230, 255, 271
- Аффинное мечение 137–138, 141, 143, 147, 148, 150–151
- Бамицетин 190
- Белки рибосомные
- взаимодействие с рибосомной РНК 99–103
 - в мРНК-связывающем участке 137, 139–140
 - в районе пептидилтрансферазного центра 150–151
 - в районе факторсвязывающего участка 145, 147–148, 166, 201, 268
 - в транслокации 152–153, 209
 - в участке связывания тРНК (А-участке) 143, 171
 - в участке связывания тРНК (Р-участке) 140–142
 - диссоциация при разборке 127–130
 - как составная часть рибосомы 7, 90
 - комплексы и кооперативные группы 98–99
 - первичные структуры 94–95
 - периферийная локализация на рибосоме 104–106
 - разделение геля электрофорезом 90–93
 - размеры 90–91, 92, 94
 - регуляция синтеза по принципу обратной связи 237–239, 242–243
 - репрессорная роль 237–243
 - синтез на полицистронных мРНК 237–238
 - соседствующие 106–109
 - топография на рибосомной поверхности 106–113
 - трехмерные структуры 95–98, 99
 - число и номенклатура 91–93
- Белковый комплекс (L7/L12)₄ · L10
- локализация на рибосоме 65–66, 96, 111–112
 - связывание с рибосомной РНК 101, 241, 242
 - структура 96, 98–99
 - структурная мобильность 152–153
 - трансляционный контроль по принципу обратной связи 239, 241–242
 - участие в работе функциональных участков 139, 141–142, 143, 145–148, 151, 201, 206, 208–209
- Бесклеточные системы трансляции, описание и компоненты 57–58
- Бессмысленные кодоны — см. Кодоны терминирования
- Бессмысленные мутации 265–266
- Бесфакторная транслокация — см. Транслокация неэнзиматическая
- Бесфакторная элонгация 204
- Бластицидин S 190
- Виомицин 201, 204
- Вискумин — см. Токсины растительные
- Гем-контролируемый ингибитор (HCI) 259–262
- Гентамицин 204
- Гигромицин В 204
- Гиена 232
- Гипермодифицированные нуклеозиды в тРНК 31, 33, 34
- Гипотеза нестрогого соответствия при

кодон-антикодоновом спаривании 155–158

Гликозидазы 288

Гликозилирование 287–289

Гликозилтрансферазы 288

ГТФазный центр (на рибосоме) — см. Гуанозин 5'-трифосфатаза (ГТФаза), Факторсвязывающий участок (на рибосоме)

Гуанилилимидодифосфат (GMP-PNP) 144, 146, 163, 198–199, 228

Гуанилилметилендифосфонат (GMP-PCP) 144–146, 163–164, 198–199, 201, 228

Гуанилаттрансфераза 17

Гуанозин-5'-дифосфат (ГДФ) 61, 134–135, 144–145, 148, 162–166, 176, 179–181, 182, 198–199, 200–203, 206, 209, 230–231, 248–249, 255, 256, 260–261, 267–268, 270, 288 *см. также* Гуанозин-5'-трифосфатаза (ГТФаза)

Гуанозин-5'-трифосфат (ГТФ) в бесклеточных системах трансляции 57 в образовании кэп-структуры мРНК 17 гидролиз 61, 134–135, 144–145, 148, 163–166, 176–177, 179–180, 198–202, 206–207, 209, 228–231, 248, 255, 256, 267, 271 как источник энергии в элонгации 61, 134, 209 связывание с EF-T_u (EF-1) 134–135, 144–145, 147, 148, 161–166, 176–181, 182, 201, 268 — EF-G (EF-2) 134–135, 144–145, 147, 148, 198–200, 230 — eIF-2 248, 249–251, 255, 256, 260–261 — IF-2 144, 148, 224, 228–231, 232 — RF 144, 148, 267–268, 269–271 структура 146

Гуанозин-5'-трифосфатаза (ГТФаза) 148, 166, 199, 267 *см. также* Гуанозин-5'-трифосфат (ГТФ), гидролиз

Гутеротин 189, 190, 268

Дезоксирибонуклеиновая кислота (ДНК) как носитель генетической информации 7–9 нуклеотидный состав 10

Деформилаза 224, 286

Диамины в рибосомах 52–53 индукция ложного кодирования 170 стабилизация ассоциации рибосомных субчастиц 122

Диссоциация рибосом на субчастицы вклад факторов инициации 226, 228, 249–250 влияние ди- и полиаминов 122 влияние органических растворителей 122

зависимость от ионной силы 119–120, 121–122 перед инициацией трансляции 225–226, 249–250 после терминации трансляции 271 при снижении концентрации Mg^{2+} 63, 119–122 роль рибосомной РНК 119–120 роль связанной тРНК 121

Дисульфидизомераза белков 286–287

Дифтаמיד 215, 219

Дифтерийный токсин 214–216

Долихилфосфат 287–288

Изоакцепторные тРНК 29, 158–159, 168–169, 175, 212, 214

Иммуная электронная микроскопия концов рибосомной РНК 113–114 пептидилтрансферазного центра 152 рибосомных белков 109–113 участка выхода растущего пептида 276–277 участка связывания EF-G 147 участка связывания мРНК 139

Ингибитор, индуцируемый двуспиральной РНК (dsI) 262–263

Инициаторная тРНК прокарриотическая формилметионил-тРНК_F (F-Met-tRNA_F) 222–224, 228–231, 232, 268 эукарриотическая метионил-тРНК (Met-tRNA_F) 246–247, 249–250, 255, 256, 260–261, 284

Инициаторные кодоны 18–24, 26, 222, 227, 228, 232, 237, 241, 242, 246, 253–255, 268

Инициаторный комплекс 30S (30S · mRNA · F-Met-tRNA_F · IF-2 · GTP), прокарриотический 226, 228–230, 231 70S (70S · mRNA · F-Met-tRNA_F), прокарриотический 229–231 43S (40S · Met-tRNA_F · eIF-2 · GTP), эукарриотический 250, 261 48S (40S · mRNA · Met-tRNA_F · eIF-2 · GTP), эукарриотический 251, 255 80S (80S · mRNA · Met-tRNA_F), эукарриотический 255, 260–261

Инициация трансляции внутренняя 228, 235, 239. 251–252, 254–255 до прикрепления к мембране 277, 281, 284 значение 221–222, 245, на 5'-конце мРНК 228, 250–255 необходимость АТФ (у эукарриот) 249, 251, 253 определение 56 последовательность событий 226–231, 255–258

- при отсутствии факторов инициации 228, 232–233
- роль структуры мРНК 19–20, 21, 23–24, 26–27, 225–226, 228, 233–234, 251–253, 255, 257–258
- сопряженность с ассоциацией рибосомных субчастиц 229–231, 249, 255
- у прокариот 21–22, 221–233
- участие ГТФ 224, 228–231, 232, 248–250
- у эукариот 21, 23, 244–255
- см. также* Инициаторная тРНК, Инициаторные кодоны, Инициаторный комплекс, Контроль инициации, Реинициация, Факторы инициации
- Интерферон 262–263
- Информационная РНК (мРНК)**
- взаимодействие с рибосомой 136–140, 141, 159–160, 178, 225–229, 232, 235, 245, 250–252, 256, 271
- взаимодействие с тРНК 159–160, 164, 168–171, 178, 207–208, 228–229
- взаимодействие с факторами инициации 228, 247–249, 250–251, 256, 257–259
- как носитель генетической информации 7–9
- кодирующие последовательности 17–18, 20, 54, 277
- «маскированная» (запасная) 244–245, 255
- моноцистронная 21, 244, 245, 252, 254
- некодирующие последовательности 17, 20, 27, 265
- открытие 9–11
- первичная структура 17, 18, 19, 22, 240–241
- перекрывание цистронов 21, 234–235
- полицистронная 20–21, 23, 222, 226, 228, 234–243, 245, 254, 265, 271
- синтетическая 57
- содержание в клетке 56
- считывание рибосомой 54–57, 139–140, 141, 211–214, 265
- транслокация 134–135, 152–153, 196–198, 205–206, 208–209
- трехмерная структура 23–27, 136, 212–213, 225, 234, 235, 241–242, 251–252, 258
- см. также* Цистроны
- Информационные рибонуклеопротеиды (мРНП) 244, 257
- Информосомы — *см.* Информационные рибонуклеопротеиды (мРНП)
- Канамицин 168, 180, 204
- Кирромицин 148, 166–167
- Код генетический
- митохондриальный 16, 158, 266
- проблема 9
- расшифровка и общая характеристика 11–16
- универсальность 16
- Кодон**
- определение 15
- семьи 16
- словарь 12, 15–16
- частоты использования 211–212
- Кодон-антикодоновое взаимодействие**
- в А-участке 155–160, 179, 208
- в Р-участке 140, 160, 208, 222
- гипотеза «Два из трех» 158
- имитация факторами терминации 267
- кинетика 174–175
- комплементарность 28, 155, 174–175
- нестрогое соответствие 155–159
- правила спаривания оснований 157, 158–159
- при инициации 222, 228, 232, 253–255
- при ложном кодировании 168–171
- при транслокации 205–206, 208
- стереохимия 159–160
- структура комплекса 155
- см. также* Адапторная гипотеза, Антикодон, Гипотеза нестрогого соответствия
- Кодоны терминации — см.** Терминирующие кодоны
- Компартментализация на полирибосомах**
- эукариотических аминоксил-тРНК-синтетаз 41
- эукариотических факторов элонгации 219–220
- Контроль инициации трансляции**
- гормональный 245, 257
- при клеточной дифференцировке 244–245, 257
- при синтезе белков фага MS2 234–236
- при синтезе рибосомных белков 237–243
- при тепловом шоке 245
- репрессорными белками 235, 238–240, 241–243, 244
- участие кэп-структуры 251–252, 258
- через реинициацию после сдвига рамки 236
- через селективную дискриминацию мРНК 233–235, 257–259
- через фосфорилирование фактора инициации 259–263
- см. также* Р-репрессия трансляции
- Кэпсвязывающие белки** 249, 251, 252, 258
- см. также* Факторы инициации, эукариотические eIF-4F и eIF-4F
- Кэп-структура** 17, 19, 21, 244, 249, 251
- Лектины — см.** Токсины растительные
- Лизилгидроксилаза 289
- Линкомицин 189–190, 268
- Ложное кодирование 158, 168–177, 266

Матричные полинуклеотиды
 природные — см. Информационная РНК (мРНК)
 синтетические 14–15, 57, 204, 232
 см. также Полиадениловая кислота [поли(А)], Полиуридиловая кислота [поли(У)], Полицитидиловая кислота [поли(С)]

Мембрана — см. Эндоплазматический ретикулум и Плазматическая мембрана (бактерий)

Метилтрансфераза 17

Метионил-тРНК инициаторная — см. Инициаторная тРНК

Микросомы 49, 55, 277

Минирибосомы (митохондриальные) 53, 54, 69

Минорные нуклеозиды
 в мРНК — см. Кэп-структура
 в рибосомной РНК 77, 79, 82, 113, 252
 в тРНК 30–33, 37, 159

Мобильность структуры рибосомы (при функционировании) 152–153

Модексин — см. Токсины растительные

Модификации белков, ко-трансляционные
 гидроксилирование 289
 гликозилирование 287–289
 деформилирование 223–224, 286
 образование дисульфидных связей 286–287
 отщепление N-концевого метионина 223–224, 235, 286
 отщепление сигнального пептида 278, 280, 284–285, 286

Модифицированные нуклеозиды — см. Минорные нуклеозиды

мРНК — см. Информационная РНК (мРНК)

мРНК-связывающий участок (на рибосоме) 136–140, 141, 160, 225–226, 252

мРНК — см. Информационные рибонуклеопротеиды (мРНКП)

Нейтронное рассеяние 94, 104–105, 108–109, 116–117

Неомицин 168, 180, 204

Неравномерность скорости элонгации 24, 26, 211–213

Нестрогость спаривания оснований (при кодон-антикодонном взаимодействии) 155–159, 222, 267

«Неэнзиматическая» (бесфакторная) транслокация 203–205, 207, 208, 209
 см. также Бесфакторная элонгация

«Неэнзиматическое» (бесфакторное) связывание аминоксил-тРНК 165, 203–204, 205

Олигоаденيلاتсинтетаза 263

Освобождение деацилированной тРНК (из рибосомы)

после терминации 271
 при транслокации 135, 196–197, 200, 208

Пептидилтрансферазный центр (на рибосоме)
 гидролитическая активность 186, 267, 268–269
 донорный и акцепторный субстраты 148–150, 184–185, 187–188
 ингибиторы 188–191
 катализируемые реакции 148, 183–187
 каталитический механизм 184–187
 конформация субстратов 191–195, 272–273
 положение на рибосоме 151–152
 специфичность по отношению к субстрату 185–186
 участие рибосомной РНК 151
 участие рибосомных белков 150–151

Пептидил-тРНК
 в реакции транспептидации 134, 135, 148–149, 183–187, 190, 196–197
 RF-индуцируемый гидролиз 267, 268–271
 компетенция к пурамицину 197, 200
 положение на рибосоме 135, 140–142, 196–197, 208–209, 267
 присутствие на рибосоме 134
 расположение относительно аминоксил-тРНК 160
 связывание с рибосомой 140
 транслокация из А-участка в Р-участок 134–135, 152, 196–197, 206–209, 268

Пептидил-тРНК-связывающий участок (Р-участок)
 кодон-антикодонное взаимодействие 140, 205
 локализация на субчастицах 140
 нахождение деацилированной тРНК 135, 140, 196, 208
 определение 134–135
 ориентация тРНК 160
 положение на рибосоме 140–142
 связывание аминоксил-тРНК 140, 233
 связывание инициаторной тРНК 222, 229–230, 231, 232, 255, 268
 сродство к тРНК 140
 участие рибосомных белков 140–142

Пептидная связь, образование — см. Транспептидация

Периплазма (граммотрицательных бактерий) 275, 280

Пирофосфатаза 43, 60–61

Плазматическая мембрана (бактерий) 274, 275–276, 278–282

Полиаденилатполимераза 17

Полиадениловая кислота [поли(А)]
 как синтетическая матрица 14–15, 57, 262

- на 3'-конце природных мРНК 17, 21, 23
- Полиамины**
в рибосомах 52–53
индукция ложного кодирования 170
стабилизация ассоциации рибосомных субчастиц 122
стабилизация структуры РНК 87
- Полинуклеотидфосфорилаза** 14, 57
- Полинуклеотиды** — см. Матричные полинуклеотиды
- Полирибосомы**, определение и описание 54–56
- Полирибидиловая кислота** [поли (U)] как матрица 14, 57, 136–139, 168–170, 171, 204, 232–233, 262
- Полицистронная мРНК**, определение и примеры 20–21, 23 см. также Синтез рибосомных белков, Фаговая РНК MS2
- Полицитидиловая кислота**, [поли (C)] 14, 262
- Посттранслокационное состояние рибосомы** 197, 200, 201–202, 203, 207, 208
- Претранслокационное состояние рибосомы** 197, 199, 200–201, 207, 208
- Причальный белок** (эндоплазматической мембраны) 283–285
- Пролилгидроксилазы** 289
- Проскок терминирующего кодона** 174, 266
- Протеинкиназы** — см. Фосфорилирование факторов трансляции
- Профлавин** — см. Акридиновые красители
- Процессинг**
белков 254, 277–282, 283–285, 286–289
РНК 7, 17, 68, 254
- Пуромицин** 149–150, 152, 184, 189–190, 191–192, 196–197, 198, 200, 269, 275
- Разборка рибосомных субчастиц** 127–130
- Разворачивание рибосомных субчастиц** 122–126
- Растущий пептид**
аборт 149, 275
взаимодействие с мембраной 274–275, 277–285, 289
дискретное распределение по размерам 211
добавление аминокислот к 56
конформация на рибосоме 192–195, 273
место выхода на рибосоме 276
освобождение, индуцируемое пуромицином 149, 196–197
присутствие на рибосоме 54–55, 134
сворачивание 272–275, 286–287
узнавание сигнализующими частицами 213, 283
см. также Сигнальная последовательность растущего пептида
- Регуляция на уровне трансляции** — см. Контроль инициации трансляции, Репрессия трансляционная
- Рейнициация** 225, 226, 232, 237, 239, 271
- Реконструкция рибосом** 130–132
- Рентгеновское рассеяние** 104, 116–117
- Репрессия трансляции**
гем-контролируемая 259–262
индуцируемая вирусами 257–258
индуцируемая двуспиральной РНК 262–263
индуцируемая сигнализующими частицами 213, 283–285
индуцируемая токсинами 215–219
как результат сворачивания мРНК 24, 234, 235, 236, 239
низкомолекулярными РНК 244
репрессорными белками 234, 235–236, 237–243, 244
- см. также Контроль инициации трансляции
- Рецептор сигнального пептида** — см. Причальный белок
- Рибонуклеиновая кислота (РНК)** — см. Информационная РНК (мРНК), Рибосомная РНК, Транспортная РНК (тРНК)
- Рибонуклеопротеидный комплекс** 5S РНК · L15 · L18 · L25
локализация на рибосоме 99, 114, 115
состав 99–100
участие в ассоциации субчастиц 121
участие в формировании функциональных участков 100, 143, 151
- Рибонуклеопротеиды**, малые цитоплазматические 213, 245, 283
- Рибосомная РНК**
виды 68
домены 85, 86–87, 88–89
как составная часть рибосомы 7, 68
компактное сворачивание 86, 87, 88, 89, 104–106
коэффициенты седиментации 69–70
локализация 3'- и 5'-концов на рибосоме 113–114
минорные (модифицированные) нуклеозиды 77, 79, 82
митохондриальная 69–70, 74, 75
первичная структура 70, 71, 77, 78–79, 81–82, 83–84
16S, прокариотическая 69, 70–77, 85–87
23S, прокариотическая 69–70, 77–79, 88–89
5S 68, 70, 79, 82–84
роль во взаимодействии субчастиц 119–120
роль каркаса в рибосоме 68, 87, 89, 106, 125, 127–128, 130
сердцевинное положение в рибосомных частицах 104–106
содержание в клетке 56
спаривание оснований и вторичная структура 71–77, 80–84

топография на рибосоме 113–116
участки связывания белков 114–116
функциональные участки 141–145, 151,
225–226, 227, 252, 253
4,5S хлоропластов 68, 89
5,8S, эукариотическая 68, 88–89
18S, эукариотическая 69, 74–75, 77, 85–86
28S, эукариотическая 70, 88–89

Рибосомы

как белоксинтезирующие частицы 7–9,
50
мембранносвязанные 49, 50, 52, 274
митохондриальные 52, 53, 54, 69–70
открытие 10, 49–50
подразделение на субчастицы 62–63,
66–67, 119–122
прокариотический тип 52–54
размеры и масса 62–63
содержание в клетке 50
химический состав 52–53
хлоропластов 52, 53, 54, 69–70, 74
эукариотический тип 52–54

Рибофорины 276, 284

Рицин — *см.* Токсины растительные

Сборка рибосомных частиц — *см.* Реконструкция рибосом

Сворачивание белков, ко-трансляционное 272–274

Сдвиг рамки считывания 14, 21, 206, 236, 265

Седиментация

рибосомной РНК 69
рибосомных субчастиц 49, 52, 119, 120,
123–124, 125, 126, 129

Секретция белков 52, 274, 278, 280–281, 285
«Сердцевинные» белки 100, 101, 128–129,
130–131, 240

Сигналузнающие частицы (SRP) 281,
283–285

Сигнальная пептидаза 284–285, 286

Сигнальная последовательность растущего пептида 213, 277–285

Сигнальный пептид — *см.* Сигнальная последовательность растущего пептида
Синглет-синглетный перенос энергии, измерения расстояний между белками 108

Сиомицин 166

Скорость элонгации

регуляция 24, 26, 213–214
тотальная репрессия 214–219
у прокариот 54–56, 211
у эукариот 54–56, 214

Спаривание оснований неканоническое в кодон-антикодоновом комплексе 155–157, 168–170, 222

в мРНК 23
в рибосомной РНК 75–76, 77, 79, 83
в тРНК 35, 36–37, 38

см. также Нестрогость спаривания оснований (при кодон-антикодоновом взаимодействии), Уотсон — Криковское спаривание оснований

Спарсомицин 268

Спектиномицин 204

α -Спираль

как конформация N-концевой сигнальной последовательности 282

как конформация растущего пептида на рибосоме 272

в рибосомных белках 95–98

в трансмембранных белках 275

Стрептомицин 167–168, 171, 173, 180, 268

Субчастицы рибосомные, определение, номенклатура и описание 62–67

см. также Диссоциация рибосом

Субъединицы рибосомные — *см.* Субчастицы рибосомные

Супрессия

бессмысленных мутаций 266

Супрессорная тРНК 155, 170, 266, 267

Терминация трансляции

гидролиз пептидил-тРНК и освобождение полипептида 266–267, 268–269, 270

ингибиторы 268, 269

кодон-зависимость 15, 265–269

определение 56

перед инициацией 225, 236

последовательность событий 266–267

последующая диссоциация от мРНК 226, 236, 238–239, 271

преждевременное 266

сопутствующая диссоциация рибосом 271

супрессия 155, 266

супрессия 155, 266

участие ГТФ 267–268, 269–271

см. также Терминирующие кодоны, Факторы терминации

Терминирующие кодоны 15, 16, 19–21, 24, 155, 174, 234, 236, 254, 265–268, 269, 271

Тетрациклин 165–166, 268

Тиострептол 145, 166, 201

Токсины

бактериальные 214–217

см. также Дифтерийный токсин

растительные 217–218

Топография белков на рибосоме 106–113, 114–117, 132

Топография поверхности рибосомы — *см.*

Рибосомная РНК

Топография белков на рибосоме

Транскрипция 7

Транслокация

зависимость от Mg^{2+} 201, 204–205

- ингибиторы 200–201
матричного полинуклеотида 135, 19, — 198, 205–206
молекулярные механизмы 204, 206, 207–209
«неэнзиматическая» (бесфакторная) 203–205, 207, 208
определение 134, 196
пептидил-тРНК 135, 196–197, 205–206, 208–209
последовательность событий 200–203
растущего пептида на рибосоме 272–273
роль ГТФ 199–200, 206–207, 209
сопряженный гидролиз ГТФ 135, 198–203, 206–207
сопутствующее освобождение деацилированной тРНК 135, 196–197, 200, 208
участие EF-G (EF-2) 135, 198–203, 204–205, 209, 219–220
экспериментальные тесты 196–198
энергетика 199, 203–205, 206–207
- Трансляция**
определение 9
цикл 56–57
- Трансмембранные белки 277, 280–282, 284, 285, 287
- Трансмембранный транспорт белков, ко-трансляционный 52, 274–276, 280–282, 283–285, 289
- Транспептидация 59–60, 134–136, 148–150, 163–164, 164–165, 166, 175, 176, 178, 181, 183–195, 196–197, 204, 209, 267
см. также Пептидилтрансферазный центр
- Транспортная РНК (тРНК)
акцептирование аминокислот 7–8, 41–43, 46
взаимодействие оснований 33–34, 35, 38–39
вклад в ассоциацию рибосомных субчастиц 121
вторичная структура 33–37
деацилированные в терминации 268–271
деацилированные в элонгационном цикле 134, 140, 184, 185, 196–198, 202, 203, 207–210
изоакцепторные 29
минорные нуклеозиды 30–33, 37
митохондриальные 29, 158
открытие 28–29
первичная структура 29–30, 223, 246
складывание по типу «клеверного листа» 34–35, 223, 246
специфичность по отношению к аминокислотам 29, 45–46
третичная структура 37–39
узнавание аминоксил-тРНК-синтетазой 48
число видов 28
число на рибосоме 121
см. также Аминоацил-тРНК, Аминоацил-тРНК-синтетаза, Антикодон, Изоакцепторные тРНК
- тРНК-связывающие участки (на рибосоме) — *см.* Аминоацил-тРНК-связывающий участок (А-участок), Пептидил-тРНК-связывающий участок (Р-участок)
- Тройственный инициаторный комплекс F-Met-tRNA · IF-2 · GTP, прокариотический 228, 231
Met-tRNA_F · eIF-2 · GTP, эукариотический 250, 256, 260–261
- Тройственный элонгационный комплекс, Аминоацил-тРНК · EF-T_u (EF-1) · GTP 134, 162–164, 165, 176–178, 179, 182, 185, 203, 268
- Уотсон — Криковское спаривание оснований
в кодон-антикодонном комплексе 155, 158–159, 168–169, 222
в мРНК 23
в рибосомной РНК 73, 75–76, 81, 84–85
в тРНК 33–36, 38
между антикодонами тРНК 175
между мРНК и рибосомной РНК 225–226, 227
- Фаговые РНК**
MS2 20–21, 22, 24, 26, 137, 173, 211, 227, 234–236, 241
Q β 266
R17 24, 26, 241
- Факторсвязывающий участок (на рибосоме)** 144–147, 166, 198, 228, 268, 269
- Факторы инициации прокариотические (IF)** 58, 224
IF-1 58, 224, 226, 229–230, 232
IF-2 58, 144, 147–148, 224, 226, 228–233, 267, 271
IF-3 58, 224, 226, 228–229, 231, 232
- Факторы инициации эукариотические (eIF)** 58, 247–250, 255–263, 284
eIF-1 247–248, 251, 255
eIF-2 144, 247–250, 255–256, 258, 260–263, 284
eIF-2A 247–248
eIF-2B 247–249, 256, 260–261
eIF-3 247–248, 250, 255–256
eIF-4A 247–249, 251, 256
eIF-4B 247–249, 251, 256
eIF-4C 247–248, 251, 255–256
eIF-4D 247–248, 255
eIF-4E 247–249, 251, 256
eIF-4F 247–249, 251, 256, 258
eIF-5 247–248, 255, 256
- Факторы терминации (RF)** 58, 147, 148, 266–271
- Факторы элонгации прокариотические (EF)**

EF-G 57–58, 134–135, 138, 144–145, 147–148, 152–153, 166, 198–210, 230, 268, 271
EF-T_s 57–58, 162–163
EF-T_u 57–58, 134–135, 138, 142, 144, 145, 147–148, 161–166, 176–182, 184–185, 201–202, 207, 268, 269, 271
Факторы элонгации эукариотические (eEF)
EF-1 58, 144, 160–161, 162–163, 166, 218, 220, 284
EF-2 58, 144, 198, 213, 215–220, 284
Формилирование инициаторной метионил-тРНК (прокариотической) 224
Формилметионил-тРНК — см. Инициаторная тРНК прокариотическая
Фосфорилирование факторов трансляции
EF-1 220
eIF-2 260–263
Фуcoxидовая кислота 145, 166, 200, 201

Хлорамфеникол (хлоромитетин) 188–190, 268

Цистроны
определение 20
РНК фага MS2 20–21, 234–236
рибосомных белков 237–241, 242

Шайна — Дальгарно последовательность 225–226, 227, 228, 232, 234, 242, 252
Шпильки двуспиральные
в мРНК 24–26
в рибосомных РНК 72–77, 80–84, 114–116, 139, 252–253
в тРНК 34–35

Экзотоксин A *Pseudomonas aeruginosa* — см. Токсины бактериальные

Электронная микроскопия
рибосомной РНК 86–87, 88–89, 127
рибосомных субчастиц 49, 51, 55, 62–67, 106, 127, 143, 276
см. также Иммунная электронная микроскопия

Элонгационный цикл 134–136
Элонгация, определение 56
Эндоплазматический ретикулум
взаимодействие с растущим пептидом 276, 277–285
взаимодействие с рибосомами 49–52, 274–277, 283–285
локализация ферментов модификации белка 278, 280, 283–284, 286–289
Энергетический баланс биосинтеза белка 59–61, 209–210
Эритромицин 204

Оглавление

3	Предисловие
7	<i>Часть А. ВВОДНАЯ</i>
7	<i>Глава I. Общая схема биосинтеза белка</i>
9	Рекомендуемая литература
9	<i>Глава II. Информационная РНК и генетический код</i>
9	1. Открытие мРНК
11	2. Расшифровка кода
15	3. Некоторые особенности кодового словаря
17	4. Структура мРНК
27	Рекомендуемая литература
28	<i>Глава III. Транспортные РНК и аминоксил-тРНК-синтетазы</i>
28	1. Открытие
29	2. Структура тРНК
39	3. Аминоксил-тРНК-синтетазы
41	4. Аминоксилирование тРНК
45	5. Специфичность аминоксилирования тРНК
48	Рекомендуемая литература
49	<i>Глава IV. Рибосомы и трансляция</i>
49	1. Первые наблюдения
50	2. Локализация рибосом в клетке
52	3. Прокариотический и эукариотический типы рибосом
54	4. Последовательное считывание мРНК рибосомами. Полирибосомы
56	5. Стадии трансляции: инициация, элонгация и терминация
57	6. Бесклеточные системы трансляции
58	Рекомендуемая литература
59	<i>Глава V. Химические реакции и общий энергетический баланс биосинтеза белка</i>
61	Рекомендуемая литература
62	<i>Часть Б. СТРУКТУРА РИБОСОМЫ</i>
62	<i>Глава I. Морфология рибосомы</i>
62	1. Размер, внешний вид и подразделение на две субчастицы
63	2. Детальная форма рибосомных субчастиц
66	3. Объединение субчастиц в целую рибосому

67	Рекомендуемая литература
68	<i>Глава II. Рибосомные РНК</i>
68	1. Значение рибосомной РНК
68	2. Виды рибосомных РНК
70	3. Первичные и вторичные структуры
84	4. Структурные домены и компактная самоукладка молекул РНК
89	Рекомендуемая литература
90	<i>Глава III. Рибосомные белки</i>
90	1. Разнообразие. Номенклатура
94	2. Первичные структуры
95	3. Пространственные структуры
98	4. Белковые комплексы
99	5. Взаимодействие с рибосомными РНК
103	Рекомендуемая литература
104	<i>Глава IV. Взаиморасположение рибосомной РНК и белков (четвертичная структура)</i>
104	1. Периферическое положение белков на ядре РНК
106	2. Топография белков
113	3. Топография РНК
116	4. Четвертичная структура
118	Рекомендуемая литература
119	<i>Глава V. Структурные превращения рибосом (in vitro)</i>
119	1. Диссоциация рибосом на субчастицы
122	2. Разворачивание субчастиц
127	3. Разборка и обратная сборка субчастиц
132	Рекомендуемая литература
134	<i>Часть В. ФУНКЦИОНИРОВАНИЕ РИБОСОМЫ</i>
134	<i>Глава I. Функциональные активности и функциональные участки рибосомы</i>
134	1. Рабочий цикл рибосомы
136	2. Функции связывания
148	3. Каталитические функции
152	4. Функции перемещений лигандов (транслокация)
153	Рекомендуемая литература
154	<i>Глава II. Элонгация: поступление аминоацил-тРНК в рибосому</i>
154	1. Кодон-антикодонное взаимодействие
160	2. Участие фактора элонгации (EF-T _d или EF-1) в связывании аминоацил-тРНК
165	3. «Неэнзиматическое» (бесфакторное) связывание аминоацил-тРНК
165	4. Ингибиторы
168	5. Ложное кодирование
177	6. Последовательность событий и молекулярные механизмы
181	Рекомендуемая литература

183	<i>Глава III. Элонгация: транспептидация (образование пептидной связи)</i>
183	1. Химия реакции
187	2. Энергетика реакции
188	3. Ингибиторы
191	4. Стереохимия
195	Рекомендуемая литература
196	<i>Глава IV. Элонгация: транслокация</i>
196	1. Определение и экспериментальные тесты
198	2. Участие фактора элонгации (EF-G или EF-2)
200	3. Роль EF-G-опосредованного гидролиза ГТФ
200	4. Последовательность событий в EF-G-катализируемой транслокации. Ингибиторы
203	5. «Неэнзиматическая» (бесфакторная) транслокация
205	6. Передвижение матрицы при транслокации
206	7. Энергетика транслокации
207	8. Молекулярный механизм транслокации
209	9. Подведение итогов: общий материальный и энергетический баланс элонгационного цикла
210	Рекомендуемая литература
211	<i>Глава V. Элонгация: регуляция</i>
211	1. Неравномерность элонгации
213	2. Избирательная регуляция скорости элонгации на различных мРНК
214	3. Тотальная регуляция скорости элонгации
220	Рекомендуемая литература
221	<i>Глава VI. Инициация трансляции и ее регуляция у прокариот</i>
221	1. Значение инициации трансляции
222	2. Иницирующие кодоны, инициаторная тРНК и белковые факторы инициации
224	3. Состояние рибосомы перед инициацией
225	4. Ассоциация рибосомы с матричным полинуклеотидом
226	5. Последовательность событий в процессе инициации
232	6. Инициация без компонентов инициации
233	7. Регуляция инициации (регуляция синтеза белка на уровне трансляции)
243	Рекомендуемая литература
244	<i>Глава VII. Инициация трансляции и ее регуляция у эукариот</i>
244	1. Особенности эукариотической мРНК
246	2. Иницирующий кодон, инициаторная тРНК и белковые факторы инициации
249	3. Состояние рибосом перед инициацией
250	4. Образование комплекса рибосомной 40S субчастицы с инициаторной тРНК
250	5. Ассоциация рибосомной 40S субчастицы с мРНК
253	6. Узнавание иницирующего кодона
255	7. Образование иницирующего рибосомного 80S комплекса
255	8. Регуляция инициации
263	Рекомендуемая литература

265	<i>Глава VIII. Терминация трансляции</i>
265	1. Кодоны терминации
266	2. Белковые факторы терминации
268	3. Рибосомный участок связывания факторов терминации
268	4. Гидролиз пептидил-тРНК
269	5. Последовательность событий в процессе терминации
271	Рекомендуемая литература
272	<i>Глава IX. Ко-трансляционное сворачивание, компартментализация и модификация белка</i>
272	1. Вклад рибосомы в сворачивание белка
274	2. Взаимодействие рибосомы и растущего пептида с мембраной. Ко-трансляционный трансмембранный транспорт
285	3. Ко-трансляционные модификации белка
289	Рекомендуемая литература
291	Предметный указатель

*Учебное
издание*

*Александр
Сергеевич
Спирин*

**МОЛЕКУЛЯРНАЯ
БИОЛОГИЯ.**

**Структура
рибосомы
и биосинтез
белка**

Заведующий редакцией А. Г. Гаврилов. Редактор М. М. Пенкина. Младшие редакторы И. М. Павлова и Е. И. Попова. Художник В. Н. Хомяков. Художественный редактор Т. А. Коленкова. Технический редактор Э. М. Чижевский. Корректор Т. И. Виталева

ИБ № 5824

Изд. № Е-468. Сдано в набор 14.03.86. Подп. в печать 21.08.86. Т-18708. Формат 60 × 90/16. Бум. офс. № 1. Гарнитура литературная. Печать офсетная. Объем 19 усл. печ. л. + 0,5 усл. п. л. цв. вкладка. 21 усл. кр.-отт. Уч. изд. л. 21,44 + 0,3 уч. изд. л. цв. вкладка. Тираж 8 000 экз. Зак. № 916. Цена 1 р. 20 к.

Издательство «Высшая школа», 101430, Москва, ГСП-4, Неглинная ул., д 29/14.

Ярославский полиграфкомбинат Союзполиграфпрома при Государственном комитете СССР по делам издательств, полиграфии и книжной торговли. 150014, Ярославль, ул. Свободы, 97.
